

1 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAGCA AAAGTTCAGA AGTTCCTCAT
 51 CAATAAGGAG TCCTTGTGAG CAGGTGAAGC TCATCTAACT AGGCATTTCT
 101 ATGATGTGGC TGCTTTTAAC AACAACTTGT TTGATCTGTG GAACTTTAAA
 151 TGCTGGTGGA TTCCTTGATT TGGAAAATGA AGTGAATCCT GAGGTGTGGA
 201 TGAATACTAG TGAATCATC ATCTACAATG GCTACCCCAG TGAAGAGTAT
 251 GAAGTCACCA CTGAAGATGG GTATATACTC CTTGTCAACA GAATTCCTTA
 301 TGGGCGAACA CATGCTAGGA GCACAGGTCC CCGGCCAGTT GTGTATATGC
 351 AGCATGCCCT GTTTGCAGAC AATGCCTACT GGCTTGAGAA TTATGCCAAT
 401 GGAAGCCTTG GATTCTTCT AGCAGATGCA GGTTATGATG TATGGATGGG
 451 AACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA CTCTCAGAGA
 501 CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTTAGTTTTG ATGAAATGGC CAAATATGAT
 551 CTCCCAGGAG TAATAGACTT CATTGTAAAT AAAACTGGTC AGGAGAAATT
 601 GTATTTTATT GGACATTCAC TTGGCACTAC AATAGGGTTT GTAGCCTTTT
 651 CCACCATGCC TGAAGTGGCA CAAAGAATCA AAATGAATTT TGCCTTGGGT
 701 CCTACGATCT CATTCAAATA TCCCACGGGC ATTTTACCA GGTTTTTTCT
 751 ACTTCCAAAT TCCATAATCA AGGCTGTTTT TGGTACCAA GGTTCCTTTT
 801 TAGAAGATAA GAAAACGAAG ATAGCTTCTA CAAAATCTG CAACAATAAG
 851 ATACTCTGGT TGATATGTAG CGAATTTATG TCCTTATGGG CTGGATCCAA
 901 CAAGAAAAAT ATGAATCAGA GTCGAATGGA TGTGTATATG TCACATGCTC
 951 CCACTGGTTC ATCAGTACAC AACATTCTGC ATATAAAACA GCTTTACCAC
 1001 TCTGATGAAT TCAGAGCTTA TGACTGGGGA AATGACGCTG ATAATATGAA
 1051 ACATTACAAT CAGAGTCATC CCCCTATATA TGACCTGACT GCCATGAAAG
 1101 TGCCTACTGC TATTTGGGCT GGTGGACATG ATGTCCTCGG AACACCCCAG
 1151 GATGTGGCCA GGATACTCCC TCAAAATCAAG AGTCTTTCAT TAGTGCTAAG
 1201 CCTATTGCCA GAATGGGAAC CCACCTTTGA TTTTGTCTGG GGCCTTGATG
 1251 CCCCTCAACG GATGTTCACT GGAAATCATA ACCTTTAATG AAGGCATATT
 1301 TCCTAAATGC CAATGCATTT TACCTTTTTC AATTAAAGG TTGGTTTCCA
 1351 AAGCCCTTAC
 (SEQ ID NO: 1)

FEATURES:

5'UTR: 1 - 100
 Start Codon: 101
 Stop Codon: 1286
 3'UTR: 1289

Homologous proteins:

Top 10 BLAST Hits:

CRA 18000004922653 /altid=gi 7434997 /def=pir G01416 lysosomal...	431	e-120
CRA 18000004903706 /altid=gi 542751 /def=pir S41408 lysosomal ...	430	e-119
CRA 18000004924799 /altid=gi 4557721 /def=ref NP_000226.1 lipa...	428	e-119
CRA 98000043616611 /altid=gi 12844223 /def=dbj BAB26283.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043617058 /altid=gi 12845127 /def=dbj BAB26629.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043616593 /altid=gi 12844194 /def=dbj BAB26272.1 (AK0...	414	e-115

FIG.1A

CRA 98000043617174 /altid=gi 12845372 /def=dbj BAB26725.1	(AK0...	414	e-115
CRA 98000043617140 /altid=gi 12845298 /def=dbj BAB26697.1	(AK0...	414	e-115
CRA 98000043617224 /altid=gi 12845477 /def=dbj BAB26766.1	(AK0...	414	e-114
CRA 98000043616955 /altid=gi 12844939 /def=dbj BAB26556.1	(AK0...	414	e-114

EST:

gi 8003062 /dataset=dbest /taxon=960...	62	4e-07
gi 8000757 /dataset=dbest /taxon=960...	54	9e-05

EXPRESSION INFORMATION FOR MODULATORY USE:

gi|8003062 Stomach normal
gi|8000757 Stomach normal

Tissue expression:

Human leukocyte

10003302-120601

1 MMWLLLTTC LICGTLNAGG FLDLENEVNP EVWMNTSEII IYNGYPSEEEY
51 EVTTEDGYIL LVNRIPYGRV HARSTGPRPV VYMQHALFAD NAYWLENYAN
101 GSLGFLLADA GYDWMGNSR GNTWSRRHKT LSETDEKFWA FSFDEMAKYD
151 LPGVIDFIVN KTQGEKLYFI GHSLGTTIGF VAFSTMPELA QRIKMNFALG
201 PTISFKYPTG IFTRFFLLPN SIIKAVFGTK GFFLEDKGTK IASTKICNNK
251 ILWLICSEFM SLWAGSNKKV MNQSRMDVYM SHAPTGSSVH NILHIKQLYH
301 SDEFRAVDWG NDADNMKHYN QSHPPIDYLT AMKVPTAIWA GGHDVLGTPQ
351 DVARILPQIK SLSLVLSLLP EWEPTDFFW GLDAPQRMFS GNHNL
(SEQ ID NO: 2)

FEATURES:

Functional domains and key regions:

[1] PDOC00001 PS00001 ASN_GLYCOSYLATION
N-glycosylation site

Number of matches: 5

- | | | |
|---|---------|------|
| 1 | 35-38 | NTSE |
| 2 | 100-103 | NGSL |
| 3 | 160-163 | NKTG |
| 4 | 272-275 | NQSR |
| 5 | 320-323 | NQSH |

[2] PDOC00005 PS00005 PKC_PHOSPHO_SITE
Protein kinase C phosphorylation site

Number of matches: 4

- | | | |
|---|---------|-----|
| 1 | 125-127 | SRR |
| 2 | 204-206 | SFK |
| 3 | 243-245 | STK |
| 4 | 266-268 | SNK |

[3] PDOC00006 PS00006 CK2_PHOSPHO_SITE
Casein kinase II phosphorylation site

Number of matches: 8

- | | | |
|---|---------|------|
| 1 | 53-56 | TTED |
| 2 | 130-133 | TLSE |
| 3 | 132-135 | SETD |
| 4 | 142-145 | SFDE |
| 5 | 162-165 | TGQE |
| 6 | 185-188 | TMPE |
| 7 | 274-277 | SRMD |
| 8 | 348-351 | TPQD |

FIG.2A

[4] PDOC00007 PS00007 TYR_PHOSPHO_SITE
 Tyrosine kinase phosphorylation site

161-168 KTGQEKLY

[5] PDOC00008 PS00008 MYRISTYL
 N-myristoylation site

Number of matches: 4

1 14-19 GTLNAG
 2 117-122 GNSRGN
 3 121-126 GNTWSR
 4 175-180 GTTIGF

[6] PDOC00110 PS00120 LIPASE_SER
 Lipases, serine active site

167-176 LYFIGHSLGT

Membrane spanning structure and domains:

Helix	Begin	End	Score	Certainty
1	3	23	1.398	Certain
2	167	187	1.637	Certain
3	248	268	0.715	Putative

BLAST Alignment to Top Hit:

>CRA|18000004903706 /altid=gi|542751 /def=pir||S41408 lysosomal acid
 lipase (EC 3.1.1.-) /sterol esterase (EC 3.1.1.13)
 precursor - human /org=human /taxon=9606 /dataset=nraa
 /length=399
 Length = 399

Score = 430 bits (1094), Expect = e-119

Identities = 211/394 (53%), Positives = 274/394 (68%), Gaps = 2/394 (0%)

Query: 2 MWLLTTTCLICGTNAGGFLDLENEVNPEVMMNTSEIIYNGYPSEEYVTTEDGYILL 61

M L CL+ TL++ G V+PE MN SEII Y G+PSEEY V TEDGYIL

Sbjct: 3 MRFLGLVVCLVLWTLHSEGGKLTAVDPETNMNVSEIISYWGFPSSEYLVETEDGYILC 62

Query: 62 VNRIPYGRTHARSTGPRPVVYMQHALFADNAYWLENYANGSLGFLADAGYDWMGNSRG 121

+NRIP+GR + GP+PVV++QH L AD++ W+ N AN SLGF+LADAG+DWMGNSRG

Sbjct: 63 LNRIPHGRKNHSDKGPKPVVFLQHGLLADSSNWTNLANSSLGFILADAGFDWMGNSRG 122

10003302-120601

Query: 122 NTWSRRHKTLSETDEKFWAFSFDMAKYDLPGVDFIVNKTGQEKLYFIGHSLGTTIGFV 181
NTWSR+HKTLS + ++FWAFS+DEMAKYDLP I+FI+NKTGQE++Y++GHS GTTIGF+
Sbjct: 123 NTWSRKHKTLSVSQDEFWAFSYDEMAKYDLPASINFILNKTGQEQVYVGHSSQGTIGFI 182

Query: 182 AFSTMPELAQRICKMNFALGPTISFKYPTGIFTRFFLLPNSIIKAVFGTKGFFLEDKKTKI 241
AFS +PELA+RIKM FALGP S + T + LP+ +IK +FG K F + K
Sbjct: 183 AFSQIPELAKRIKMFFALGPVASVAFCTSPMAKLGRLPDHLIKDLFGDKEFLPQSAFLKW 242

Query: 242 ASTKICNNKILWLICSEFMSLWAGSNKKNMNQRMDVYMSHAPTGSSVHNILHIKQLYHS 301
T +C + IL +C L G N+H+N SR+DVY +H+P G+SV N+LH Q
Sbjct: 243 LGTHVCTHVILKELCGNLCFLLCGFNERNLNMSRVDVYTTTHSPAGTSVQNMLHWSQAVKF 302

Query: 302 DEFRAWDWGNADNMKHYNQSHPPYDLTAMKVPTAIWAGGHDVLGTPQDVARIILPQIKS 361
+F+A+DWG+ A N HYNQS+PP Y++ M VPTA+W+GGHD L DV +L QI +
Sbjct: 303 QKFQAFDWGSSAKNYFHYNQSYPTYNVKDMLVPTAVWSGGHDWLADVYDVNILLTQITN 362

Query: 362 LSLVLSLLPEWEPTDFWGLDAPQRMFSGNHNL 395
L S +PEWE DF+WGLDAP R+++ NL
Sbjct: 363 LVFHES-IPWE-HLDFIWGLDAPWRLYNKIINL 394 (SEQ ID NO: 4)

Hammer search results (Pfam):

Scores for sequence family classification (score includes all domains):

Model	Description	Score	E-value	N
PF00561	alpha/beta hydrolase fold	46.7	2.5e-13	2

Parsed for domains:

Model	Domain	seq-f	seq-t	hmm-f	hmm-t	score	E-value
PF00561	1/2	112	195 ..	1	71 [.	38.8	6.7e-11
PF00561	2/2	294	352 ..	139	196 ..	8.0	0.19

1 TTATGGCCTA ACCTTTTTAA CTTTGAGTTA TTTTCAAGAG AAAATTTGAA
 51 AAAGCAGCCT TTGAGGAGAA AGAAGCAATC CAACAAACAA AAAGATAACC
 101 ACACTGTAAT AGGAAATGTG TTTTGAATAG GACATTGGAA GAAAAATAAT
 151 AATCATTTTT ACAGGTAGAT CCCAAAGTCA AGGATCTATG TTCAACCATG
 201 TGTGTTCCAC CATCTTCACA ATTGAATGAG TAACCATCAT TAAGCAGTTA
 251 GCTTAGGCCG TAATATGATT CTTGGACTGA GATTTCAAAA ATACCACAGG
 301 CCTTCTGAAA GGTTACCCCT TTCTAGCTCC ACTATCATCT AATTTTATTA
 351 AAAAAAAAAA AAAAGGAAAA ATTTGAGCTT CTAGAGAGTA GGGGCTACCA
 401 TTTTGTATCC CACAGGGCCA AGGAACAAGT TTTAATGTAT TCATTTAAAT
 451 TAATTTTCAGT ATGAGTATTG AAATATATAA TAGAAATATT GTAACATTAT
 501 ATATTTTCTA TATACTTTTA TTATATAGAA AATATATATT ACAGAATATA
 551 TTATTAATAA TTGTAGAACA ATATATAATA CAGAAAAATA TATAATACTC
 601 AGTAATATAT TAAATACTTA TAAAAATAGC AAGCTTATAT AGGAAGAGTG
 651 ATGGAGCATT GTGAGAAAGT TTCAGCTTTA TTTCTTTGAC ATTACTTTGT
 701 TTCTGCACAA ACAAAGAAT TACAGGAATT GTCCAGATTA TTCAAATAAC
 751 TCGAAGTTGA GGAGGGAATA TAAGTCAATG ATGTAGAAAC TCTTTTAAGA
 801 TTTGAGCTAG CCTACAATCT GTAAAGATCT GTGAAATTGA ACTATATTTG
 851 TGCTATTTCC ATATTAAGTC AAGGCAACAA ATCAATATTA ATAATAATAA
 901 CATAGCACTT CTAGAACCTT CTAAGAGTCA CAATAAAGTT TTGTTAGAAA
 951 GGATTGTTTT TGAAGTTAAA AACCATGAGA AATTCCAGGA AAATCCACAT
 1001 ACCTATGCCA TCATACTATC AATCAGGGCA AAACATGCTT GAGTCTTTCA
 1051 TCAAGACTAA ATGATTAAGG AGTGGTACAT AACTTTTCCC TGTCTGACT
 1101 AGCTGAACAC TTCCTTTTAC TCCACATTTG TTTAATTGGC ATGAAATTTT
 1151 CCACTCCACT AAAACAGATC TTAGGATTTG GACAACACAA AATATCATTT
 1201 GTTTTGAAAG GATTTGAGGA TAAATCCAAA CTAATAGAAC TGAAACTTCT
 1251 ATATTATGCT GGGTAGCAAC TTAGTTTTCC CTACCCTTCT TCATGCTGGG
 1301 AGATGAAAGA GATTCAGTTA CGGCTTAAGC TCCACAGGCA TACAAAGTGA
 1351 AGCAGAAAAC TGAGGCACGT GTGCCTCCAT TATCTGGTAT CTCATGTGGG
 1401 GCTTAGAGGT AAATTGTCGT TATTTGGCCT CCATTTCTGC CTTTAACCAC
 1451 TGGTGTAAC AAAGGTTACT GTGCCAAAGT TGACAGCAAC CCAAATCCCT
 1501 TTGGCATGTG AATTAGTTTC CTCTGCCATA CTGCTAGTTC CAAATTCCTT
 1551 CTGGTTTCAG GATTTAGGAG TCAGGGTTGC CTCATCTTCT CAAATGAGTT
 1601 ACAGTCACGC ACATCCCTAC ACACTGCATG GTTGGCACTA GTTCCTTGAT
 1651 ATATGTTACT CCGTTTGATC CTCATGAAGG ATCAAATGGG GAAGGGAGAT
 1701 ACTATTGTCT CTGATTGTCC ATTAAGATCT TGAGTATGTT CTAATTCCCT
 1751 GTTTGACACA CTGGTTTGAA AATGTTGCTA AGTCTTCCCA ACAATGACAG
 1801 AACTCAGTG GAAACATGAA GGATTCCGTC AAAGTGGTTA TTTTGCATCA
 1851 TGTAGACCAC TATTTCCCAA CCTGCAAGTG CATCATGGCC TTTGGTGTGT
 1901 CAGGGACACG CCTTGGGTGT GTGTCTCAGT CTAAAGCTTC CTCCTTTTCA
 1951 CAAGCTTCCT GTTTCTCATC TCTCTAGCTT CTAAGTGTCA CTGTAATCAT
 2001 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAGCA AAAGTTCAGA AGTTCCTCAT
 2051 CAATAAGGAG TCCTTGAGAG CAGGTGAAGC TCATCTAACT AGGTAAGATG
 2101 AAGATCTATC ATAACCAGGA GGCAGGTTGG AAGGTGCCAG TTGCACTGGC
 2151 AGTCAGGTGC AAGAGCTCTG CAGTGAGGCT GCCTGAGTGT CCATCCTAGA
 2201 TCTCTCACCT CTTGGCTCTG TGACCTTGAG CAGGTCTTAA ATCTCTCTAA

10003302-120601

FIG. 3-1

10003302-120604

```

2251 GCCTTTGTTT TTTTAATTGA TAAAATGAGG ATAATAATAG TACCAAAATT
2301 AGGGAGATTT TCAGAGCTTA AATAACATAC GTGAACTATT TAGAGTAATG
2351 CCTGCCATAA GGGGACTCAG TAGCTTATTA TTAGTTTCAT ACAATTTGAA
2401 AAGTTTCATA ATATTTGCAG ATATAAGATG ATCTTCAACC AGATAGCTAA
2451 TGTATGCAAA GCTATTTAGC TTCAGAAGTA AACTCTGCAT TTCTAGAAGT
2501 TAAATATTAC TTTGTTATAG TGAATTATCT GTAATATTTA TCTCTTGCTC
2551 ACTTTTATAA GAAAAATAGT GAAAGCATTT ATTAAGAAGT TACACTGCAC
2601 TAAATGTTAT ATATGACTTA ATCCTCACTA TAACCCTATG AGATAGGTTA
2651 CATTATTGTC CTAATTTTAC TAACAAGGAA ACCAAGAGAC AAAGCTACTA
2701 AACACCTTGC CTGAGGTTAG ACATCTTCTT CTGTGGTGAG GCTGGATTTC
2751 AAATTTAGAC CATTTGACTG TAGCACTTAT ATGATGAGCA TGCTGTTTAG
2801 TGTTATAGTG TTGGTCTACC TTTGAATAGA CATACTTTTA AACCATGGCA
2851 AGGAAGTGAG ACTGCACATT GAAATATGTA AAATTTGCCT TTGGGTGCCA
2901 CGTGAGAAAT AGTCACATCA CTAGAAACTA ATCATAAGCT TTTGTGTTTG
2951 GTTAAAGTTT TATTGATCCA TTTTCTTGT TACTTTGTG GGATACTGGG
3001 CTTAACTAGG GGATACCTCC ACTTTTACT TGGCCATGGT ATGAAAACT
3051 GTCCTCTGAA TCTTTAGATA TTTTGGCAA TTGTAGGCAA ACAAAGACTT
3101 AAAGCAATTC AACCTTGATT AAAATAAGAC CAAAAATGCC TCCATACTTG
3151 ATTAAATTTA TTTCATTTTA GGAAGTGGAT TATAATCAAG ACAACTTCTA
3201 CATGAAAAAA TAGATTAATA GTGCTCCAAG TTAGTTCCT GTATTTATTC
3251 CTTTTTATAC ATTATCTGCC TTCGGTGTTA TTCAAGTTT CATTAATCAT
3301 TAATAATTC ACTAATCATT TTATTCATT AATCAACATT GATAGTTAAA
3351 ATTAATCTGT GAATATTTAA TGTTTTATGC CAGGCATTC TATGATGTGG
3401 CTGCTTTTAA CAACAACCTG TTTGATCTGT GGAACCTTAA ATGCTGGTGG
3451 ATTCCTTGAT TTGGAAAATG AAGTGAATCC TGAGGTGTGG ATGAATACTG
3501 TAAGTCATGG AAAACTGTGA AGAACATCAA ATAAAGCAGG ACTAATGGAG
3551 TATGAGGTTA CGAAAGGTCC TGTTGTAACA GAAAATCTCT GATAAAACAG
3601 ATAAAATGTA GATGGTTTTT AACCTCTGCA AGAGTCAAGC TAGTTAGATC
3651 TTTGTCTGAA AAACAAATAC TGTCCGTAA TGAAAACCAA ATTGTGCTAT
3701 TGTGCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT
3751 ATCTATCTAT TTATCTATCT ATCTATAGAT AGAACCTCCT CTTTTGAATT
3801 TATGTTTTAA GAATATCAAG CTATTTGTTG ATATACATGA TTGCCTTCTA
3851 TTGATCTATA GTTCTATTAC TTTTAAAGCA AGAGGGGTCT CAAAAGACAA
3901 TTGACTTGAT AATATAGCTT TGTCAGAAAG AATGGGTCAA TGCTAAATTT
3951 TCCCCCAACC CCCCAAAATA TTAGCCAATA GTAGATATTT TTTAAAATTC
4001 TACTTATTTT GTATTAAGAC TTTATTTATT AATTTTACAG TTACCTGGTG
4051 CTACAAATTT CAGATAATTC ACCCTAATAA GCACACAACA GATGGTTTGT
4101 TTTGATTCTT TTTTATATCC TTTGGAGAAG TTCCACTAAC GACTGTATTT
4151 TTAAGTGGCA GAGTGAAATC ATCATCTACA ATGGCTACCC CAGTGAAGAG
4201 TATGAAGTCA CCACTGAAGA TGGGTATATA CTCCTTGTC ACAGAATTCC
4251 TTATGGGCGA ACACATGCTA GGAGCACAGG TACAAGATAT GTCTCTCCTG
4301 AAAAGGGGAC TGCATTGACC TCCTGCTTCT CAGGAGGAAT TTAATGCTAG
4351 ATATGCATCA ACAGAGTTTA TCAAAATTGG TTTGAATTAT TGGATTAGTC
4401 TTTAAATAGT TATCAGGGAG GCTCACTCTT TGCCTGATAA TTCTCTGAAG
4451 ACAGACAGGA ACCTAAAAAT ACAAACAGCA AGACTGATCT TGCTAACTGC

```

FIG. 3-2

10003302 "120604

4501 AACCAGAGGT ACTTGTTAGG GTGTAAACAG AAAGGCAGAG CCTGCATTTT
4551 GTCACCTCAT TACTGATTTA TCATGTGGAA AATTGCTTTG TCCCAGGAAA
4601 ATGGATCCTC TCATTGTCAG AAGGAGATTT TCTAGTTGT ATGAAATTGA
4651 CTCTGGGGCA CCCAAGAAGA ACCTCTCCTG CTCCCCTAA AATTAAGGGG
4701 CCTCCCTCTG CAGGATAAAA AACAACTAG TTAATGACA ACGCATTTCT
4751 GAAAAGTTTT CCAGGACTGA AAACCTTAAC ATCCACATAC ACTTTGATCT
4801 AAGGGACAGA CGGTTTCATAG AATGAAAGAG TATGGTGTCA ATAAGGCTTG
4851 AATTCTAGAA TGAGGAGCCA GCCATGCCAT AGCAGGGGAA TGATACTCCT
4901 TAAAAGGGAA AATTTAACTA CAAATCCTCT GAAGTAGAAA TGATAAGAAT
4951 AACCAAAATA TCTGCAATGG TTCAATAGCA AATAATTTAT TGGCAGCTGC
5001 TTACCGTGTT CATTTTGCAT CTTTTTCCC ACCACACATA TTAAGGAGCA
5051 GCTGAAGTCA TGTTTGACAT TCTCTCCCTC TTTTATCTCC AGTTTCAGAA
5101 TGAAAAATGA GAGTGAGATA TGAGTAGTTT TACTAGTTAA AATATGAAAC
5151 ACCCAGTTAA ATTTGAAGGT CAGATAAACA ACAAATAATT TTGTATAAGT
5201 CTCATTTTAA GATAATACTA AAAAGTCATT ATTTATTCAC TATTATCACT
5251 ATTTATAAAA TTTTGTAGAG CATCCTGGAT CTTTTTGCTT ACTTTTGTIT
5301 TTATTTTTTG CTAAATCTGG CAATCCCAGG CACATGTGTG AAGGAGCTGT
5351 GAAATATAAA AGGAGAAAAC TTTTATGGGA AAGATTTGGC TTAAGGAGAG
5401 ATAATTTTGG AAAGATTTAG AATTAAGAT CATTCAATAG ATGTAATGTT
5451 CTAAATACTT TATATCAGTT AAACCTCTCA TCAACAATAT GAGATGGGTA
5501 CCACTAATAG TCACCATTTC ACAAATGATG AAATTAAGGC ACAACCGTT
5551 ATGTTAAGAG GCCTAAAGTC CACAAATAGC AAGCTGACAG ACCAGAATTT
5601 AAGCCCAGGC ATGCTGGCTC CAGAGCCTGT GCTCTTAGTC ATTAATTAT
5651 AGTGCCTTAC TTGACCTTCC ACCCTGGTTA CTTTGGATCT CCCTGAATGC
5701 TCTCTCTCCC TCAGAAATAC TGGAAGTTGG CAGAGGGACA CTGAGCTGAG
5751 CATATTATTG TAGTTTTTAA ATGCTCTCCA CTGGACAGAA GATGGGGGAT
5801 TTGAATAGAA ATTTGGTGAG GAACTAATCA GTGTCCATT ACACCTACCT
5851 CCTCTTCCTC CCTGGAAGAG CTATAGGACT TGAGTAAGCA TGATAAATTT
5901 CGTGTCTTTG TAAACCACAC CCAGGAAATT TGTATATACA AATACATAGA
5951 GCACAGTAGT TATCAGGACA GACTTTGACA TAAAAAGAAC TGGGTTTGAG
6001 TCCCTGCTCT GGCCTTCTTA TCTGGGTGGC CCTCTGGGAA AGTTACTTAA
6051 CTACATAAAG TTTTGTTTCC ATATCTACAA AATGAGGTTT CTCAAATAG
6101 CAGCTAGTTT ATAGAGTTGT TGCAAGAATT TAGTAAGCTA ATACATATAA
6151 ATACGTCAAC ATAGCACCAG GTACAAAAAT ATGTGCTCAA GAAACTGAAG
6201 TTACCTGATT ATAATGCTCT ATACTATTGA CAAGGGAAAA GTGAAAACAG
6251 TTTTGTITTT ACCATGTGTG TATGTGTGTG TGTCTGTGAT GTTTCGACA
6301 TGCTCTATTT AACATAAATT ACTCTCACTC TTTCTCTCTC TCTCTTCTC
6351 TTTCTCCCTC TCTCATCTTA CCCTTCCCC CACCAGGTCC CCGGCCAGTT
6401 GTGTATATGC AGCATGCCCT GTTTCAGAC AATGCCTACT GGCTTGAGAA
6451 TTATGCCAAT GGAAGCCTTG GATTCTTCT AGCAGATGCA GGTTATGATG
6501 TATGGATGGG AAACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA
6551 CTCTCAGAGA CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTAGGTAAA TATTAGCTAA
6601 GAAACTCAA GGGGGAAATT GGAGGCAATT TAAAAAAAT AACGTGGACG
6651 CTATTAATGA TTATCTTTGA CGCTTGAAGT CATATAGCTC CTTGTAGTTT
6701 CTGTTAAGAT CTCAAAGGAG GGTAACAGCA AGAAGCTCTG ATTTTCACT

FIG. 3-3

10003302-120601

```

6751 GATTCTCCCA CAAGCAAAGT ATGGCATTTC AACAAAGATCA TTTTACATC
6801 CAATTCTGTG AATTCTATGC ATTA AAAAGTA TGTCCAAAGA GACAGCTCAG
6851 GAAATTATCA TGACCAATGT GCACATTCAT TCAGCCAATG TTTACTGAGT
6901 GGCTACTGTA TGCGCTGTTC TAGGCCCCGA ACATTCAAAC AGGGAACAGA
6951 CAAACTCTGA CCTCACAAG CTTATGTTCA TTTTAGTGAT AATTTTACAA
7001 GTCATTGCTC CTGGATTGCC AATCAACTGT GTAAAGATGA TTTGGACCAG
7051 GACCTTATTG ATTTAGAGAA ACTGTGATTG ATTTAGAGAA ACTGAGATCG
7101 CACATAGTAC CATTTTCAGG AAAACTCCAA TATTAGATTT TTA AACCTT
7151 GTTAATGGGC AATGAAGAAG AATCTTTTTT GATATCTTGT TTCTTTTAAT
7201 GGAAGAGTTT TCTGCTGTCA CCAGAGGACA GGCTGATGCC TGCGATAGAC
7251 TTTTCTTCTC TCAGGCCTAA GCTCCCTGTT GGTGTGAAA CCTGATGCTA
7301 GAACAGACTG TGTATTCCTA TTACATTAAT AAAACATTCA GTACCCACTG
7351 AAAGTTTGAG AATAGTGGAG GAATAGAATA GAATGTTATA GTCTGAGTTC
7401 TTGGGCAGGG GCAAGCATCA GGAAATATTG AATCATTAGT CTTTAGGAGG
7451 TGTCACAACA ATTCTCCTAT TCTTGTAAGT CCAATCTAT AGATTTCTCT
7501 ACATGTTCTT TTAATAAACA GGCTTCTAGC TTATGGAATA CCTGATTTGA
7551 CTAAATGTTA TATAGGCCCT TTTGTTCTC CTGTCTGAAG AACAAAATAC
7601 TAGTACTATG GAATATTGGT ATATATTA AA TATATATCTA TATATCCATG
7651 TGGACAGGAA TACTACTACT AACACATCT TACTGAGCAC CCACTGGCAG
7701 CCAGAGTCGT TTCTTTCATA CTATTA AAC CCGTTAGCAG CCCCGTAAAC
7751 CAGGTACTAC CCTGTTTATT TCCCAAATGA GAAAACATAG GCTCAGAGCA
7801 TTTCAGTAAT TTCTCAAGAG TTGCAAAGGC CATAAATAGT AGAATCATGA
7851 TTTACAAAAC CCCTGTTTCC AAAGATGGGT ATTAAATGGT CCTAACAA TT
7901 GTGAAGCCTC ATGTGGGAGT CAGAAGTAGA GGCACACAAG CCAGATGGGG
7951 AAAGGGAGGG CAAAGAAAAG CAAGAGAAGG GAAGGAAGAG GAGGGATCAT
8001 AAGGTTGAAC TTCAAATATC ATACACAAGT TTCGAAAGTG TTCCTCTTAT
8051 AAGGAAGTAA AATGTACATA TGCAGAAAAA CAAAAGCTA CAATAGCCTA
8101 CATATAATTG GATAAATAAT GAAATACACA TTGAATCTAA GTAAACAGCA
8151 TAGAATCTGG GTGTAAAAAA GAAGTGAGCA AGTGCTCTGA GTTTTAACT
8201 TAAACTTGCA AGTATTTATA AAAGCCCCTG TTTTATTTTG CAGTTTGTAT
8251 GAAATGGCCA AATATGATCT CCCAGGAGTA ATAGACTTCA TTGTAAATAA
8301 AACTGGTCAG GAGAAATTGT ATTTCAATTG ACATTCATT GGCCTACAA
8351 TAGGTATGTT TATGAGGGTC ACTGTTAGGT GTGTTTTTGA GGGTCAGTTT
8401 TCTCAGAGTC TTACAGGAGT TCACCTTTAT GTTGAATAA AACAACTGTT
8451 ACTTATAGTG CCCTCAATTC CCTGTCCTCT GCTGGGAATA ACCCTAGTAC
8501 TCTAAGTAGC TGTGAGCCTG CAGTGACAG ACTATATGTA GGGCAAACCT
8551 TTCCTGGGTC TCTGGTCACA GCAGCATATT GACTACGGTG ATGCAATTTT
8601 CCAGGAATAA CATGTGTTCC AAATTC AAAG AAATAATTCC ACAGAGTAAG
8651 TTTCTAGATT CCCTCTGAGC TGAAAAAGTA AAATTC AATG CCATGGAATA
8701 TGGCTGAAAC ATAATAAATG TGCATCAATC ATCTCTTCT CACAACCCAA
8751 ATGGGATTTT TAAAAAATAA AAGGGAAGGG CTTATACCTA TATTTAAACA
8801 AATTGAAAAG GCATGGTTAT ATTTGTTTGT GAGTTGGAAC ACACAAGCTT
8851 ACTATAATAA ATCAATTGAG CTTATCTATT CAGTGTGTGA TTTAGTATTT
8901 ATGAAATAGC AAGTAAATGT AAGCACTATG TAGAAATTTT TAAAGTTTTT
8951 TAAGCTGACA ACTTACTTCT TAATTTACTT ACTTTACTTA ATTTACTTTA

```

FIG. 3-4

10003303 "120601

9001	CAATTTACTT	TCCAGGTATT	TTGGAAAGAA	ATCAATAATC	TAGTTCCAAG
9051	TAAAAGTTGA	AAGGAACCCA	CACTAATAAA	AGCTTTGAAT	TTGTCATTGA
9101	ACTTCCACTA	AAGTTTCCAA	TTTTAAGAGA	ATAAATCATG	TGAAAGTGCA
9151	ATATTTTCAGT	TTAGGGAAAT	ATTTTTCATTA	TCACCACTAT	CATCAGTAAC
9201	AAACATATAT	TCATTAGTAT	TTTAGATTGA	CAGGCACTTT	CCAAGCTCAG
9251	AACAGGCAGT	TAGCATCAGT	CAGCATATAC	TAAAAAAGTA	TCAAAGAACT
9301	CATAGGAGAT	CAAAAATGCC	ACCAATAGGC	AAATAATTAC	AGTATCTAAC
9351	ACTTATTGAG	CATTCGTTAT	GTGTAGGGTC	TTGTGTTGAG	GACCTTCCCC
9401	ACAGTATCTC	CCTCTGATCT	TCAAAACAAC	CCGAATGTTA	TTATCCCCAT
9451	CTCATAGAAG	AAGAAACACA	AGTTCAGAAC	ACAGATTCAA	ACCAGATGTA
9501	TCTGATTTCA	CCAATAGGGT	GTGTAAGGAT	TCCGGAGAAA	TGGTGTAGAG
9551	AAGAAGAAAT	GACTTTAGTT	GGTTTTGGAA	AGTGGGTAGG	ACTTAGATAT
9601	GCTCTTATAC	TTGATCTGCA	AAAAAAAAAA	AAAAAACCAT	GGAGAATTTG
9651	ATTATCTGTG	CTCTGTGTTT	CATTTAGGAC	ATAAATATTT	TTAGTGACTG
9701	TTGTTTGCAT	TTTGGACAGA	GCAATTTCTG	TTATGTAAGG	AGCACCCACT
9751	CTTTGTAGGA	CATTTAGTAG	GTCCCAGCCC	ATTAAACAGG	GCTCTGCAGT
9801	CAGCGTGACC	CTCAAAAATC	TCACCTCCAC	ACATTTCCAA	ACACCCTCTG
9851	GGGAAGTACT	ATTCCTGATT	CAGAGTCTTT	TTATCAATTG	TTCAGTCAAT
9901	TATTTTCAGTT	CTTCTTTTTC	TGGCCAAGAC	AGTTTTAATG	TTCCAACAAG
9951	TGTTTCAGTA	CACACATACA	CACACACACA	CACACACACA	CACACACACA
10001	CACATGCTAG	TGGAGGCCCA	GGAAGGGACC	TCTGGAAACC	AAATTATATG
10051	GATATTCTCC	CTAGCCTACC	CAGTGTTGTG	CTAATCTCCA	TCCTCACAGA
10101	TATACAAAGG	GGTGCAATGC	TACTGCTGAA	AGAGCAAAGC	AAATGGAGAT
10151	GCCTGGTCCT	TACTGGGCCA	TCGTGGATGC	TAGGGAAAGC	CCCTTTCTTT
10201	TTGGAAACAG	GGAAGAGTCT	AGAGGGTTGA	AAAACACCCA	GTAAGACACT
10251	GGGAGCAGTG	AAATTTTCATT	CCATAGTGAG	AAAGAAAACC	TGTTAGAATA
10301	ACTGGGTGAT	GCTGCAGAAA	GAAATCAATT	CACCTCCTGT	GACTGATTAT
10351	TTGCTTCTGG	AAGCTCTGTG	ATTCATTCTG	GCATCTCAGA	GTTAGGGATG
10401	AAATGAGAAT	GTTGCCAGCA	TTTACCCCAT	GCTTGGGAAG	TTTACACAGC
10451	AGTAGTACT	CCAGCAGCTT	AACCATCACC	TTTCCCCTGC	CAACTACTCC
10501	ATTTCCCCCA	ATCAAGTCAA	ACTGTCCATA	AATAGAATAA	AATAAAATTG
10551	GAGACTTGAG	AGCAGAGAAG	ACTGAAGGCA	GATTATCTTT	ATAGAATAAC
10601	TCAGAAGACT	TCCAATTCAT	CCCCAGTATG	ATCACGATAG	AAGGAAAAAA
10651	TGACTAAGCA	GAGCCCCAAT	TTTGTTAGAA	ACATTGCGTA	AGTATTTATT
10701	TTTACAAGAT	TGTCTTATCT	CCTGTTCTCT	CAGGGTTTGT	AGCCTTTTCC
10751	ACCATGCCTG	AACTGGCACA	AAGAATCAAA	ATGAATTTTG	CCTTGGGTCC
10801	TACGATCTCA	TTCAAATATC	CCACGGGCAT	TTTTACCAGG	TTTTTTCTAC
10851	TTCCAAATTC	CATAATCAAG	GTAGGCTCCT	TTCAACAAAA	TGTACCTGAG
10901	GATCTCATTT	TGGATCATAA	ATCCTTATTA	TTTTCAAATC	TACTGTAAAG
10951	TAAAAGTAGG	AAATTTAGAT	AAAATCTATA	GAACCTAGAC	TCTGTGGGTA
11001	TGTGCTTGTG	TATGTGTGTC	CCTGCGTGTG	CGCATGTCTG	TGCCATAGTA
11051	TCTGCAGGTT	CTGTAATACA	ATTTACTATA	CAAGGTCATC	AGCAGGCTGA
11101	GTATATGTCA	GAATTTCTAG	CTGAACTGAG	TGCTATATGA	CAACAAGGAT
11151	TTTTCTTGTT	TTCCCAAGTG	TTTTTTGTTT	CATTTAGTCA	GGTAGGTCAA
11201	TGAATTCACA	TTGCCCAAAT	GAAAGACACT	TCAAGTTACC	CATAATCACT

FIG. 3-5

10003303-12064

```

11251 GATGTGTCCA ATTTTGACAT TAGAAAAACC TGATTAATAT ATTCCTTCCA
11301 ATATGGAAAC TTGCCCTAAT AACTAAAGCT AAGATTCCAA AGCCTAAATG
11351 TATTACAGCT CAAGTATTAA TTCAAATATT TATTGGTTAT TTTTCAGGAG
11401 TTGAAAAAGT CATTTGGTTG CCAATTGTGG ATTTGGGATT TTATCTATTA
11451 AAGGGTTTTT TTTTTTTTTC TCTTTGCTTT TGTTTCTCTA CAAAGGTCAT
11501 TGCCACAATG AACACAGCAT TTAATCAAAT TCCAGATTGG CCTTTGAACT
11551 TGGGATGATG GATAAAATGG ATTTGGGCCA AAATTGAAGT CAAGGAGACC
11601 AGTTAGAATA TCAAAATAAT TCATATATAA GAAAATGAGA CGTTGGTTTG
11651 GGGTAGAGTG GTAGGAATGA AAAAAATTAT TTGTGAGCTA ACACAAGGAA
11701 TAATTTCCAT AGGGCCTAAT AATAGTTAGG TCTGATAATA CTATGGTCTG
11751 ATAATAGTTT TATTGTATTG TTTACTGAGA GCACAAATGA TGTAAC TTCC
11801 TTATTCAAGA GCTTTTCTAG TTTATTTAAA AATGTGTTGA CATCAGTTAG
11851 GTTTTAATGT TTTCTATATT TGGACAGTGT GAGCAAATA ATTTGTTAAA
11901 TTAAATTCAG AGAGAGATAC ATCTATCTGT AAATACATAT ATGCGTTGTT
11951 TGTGTTGCTC TTCCTACATA GGTGAGCTAT AAGGCAAATA ATGTTCTCTG
12001 GTTATCTCAG TTTCACATTT CCCACTGTCA ATATTCCTGC TACTTTTAAG
12051 TCCCATATCC TGCTCTTTTC TTCCGTCAGT TTCCCCCAGA AGCTCCAAGA
12101 CCCACCAGG AATCCCCATC CAAGTTTACT TTCCCAACTC CTGGAAGTTT
12151 CAATTGTGCT GCCTTTGTGA CATTATCATA TCTTTTCTGT TCAATGGTTG
12201 CTTCTCTTTG GCTCACTGTT CTCTACTTTT CAGCCTGAGA GCTGGCTAAT
12251 CTGGGACAGT ACTCGAATGC AGTGTACACA TGGGTAACAT GGAAAACCCC
12301 GATTTTCCCT TATATTCAAG GTATTATTTG ACCTTAAGAA AAAGTGTTTT
12351 ACATTTTATA CCAATTAATG AGAAAAAAT ATTGGCAAGC ACTGACTGGG
12401 CAGAATACAG GGAAGCTTCA CTATGGAGAA GTGAATTTGG GATTGAGGGC
12451 CTTTATTGCA ATCTCCTTGT AAATAATATT TGATACTCTT CCTCATCTGG
12501 AGACACATTC CTAAGTAATC TTTCCTGAAT AATTTGGTCT CCTTGACTGA
12551 ATCAGTAAGT ACAAATAGAT CCCCAAGCAT GGCTCTTTCC TAGAATGAAA
12601 GAAATGTCAA GAAGTCTGAA GATGATTCTT GAATTTTGGT TTTTGTCTAT
12651 TGCTATTTGG GCTTGTTGTC CTTGTTGTTG CTATTGAGTT GAGCTCCTTA
12701 TATATTCTGG TTAATAATCC CTTGTAATAT GGATAGTCTG CAAATATTTT
12751 ATCTCATTCA AAGATAATTA TTATTTACTT TCATAGGCTG TTTTGGTAC
12801 CAAAGGTTTC TTTTATAAG ATAAGAAAAC GAAGATAGCT TCTACCAAAA
12851 TCTGCAACAA TAAGATACTC TGGTTGATAT GTAGCGAATT TATGTCCTTA
12901 TGGGCTGGAT CCAACAAGAA AAATATGAAT CAGGTATGTA TGATAATTAT
12951 AGGGCCATTT GATACCTTAA GAAATTCCAG CTTTCCTTTG ACTCATTTTG
13001 ATATATCTAT TTAATGTATA AATTCATATG GTATTCCAAA CCCTTAAAGA
13051 CAGATTTTTT TTTGCTTTTA AAAATGTTTA TGGGTATATA ATAGTTGTAC
13101 ATATTTATGA GACACATATA TTTTGATATA AGCATACAAT GTGTAATGAC
13151 CAAATCAGGG TAATTGGGAT ATCCATCACC TCAAGCATT ATCATTTCTT
13201 TTTGTTAGAG ACATTCTAAT TTGACTCTTC TAGTTATTTT GAAATATACA
13251 ATGAATTATT GTTAACTATA GTCATCCTAT TGTGCATGCC AGACTTTAGT
13301 CCTTCTAACG GTATTTTGGT ACCCATTAAC CAATGCCTCT TTATCCTTCC
13351 CCCACCCCTA CTACCTTTCC CAGCCTCTGG TAACCATCAT TCTTCTCACT
13401 ATCTCTATAA GGTCAGTTTT TTTTAAACT CCCCTATATG AGTGAGAACA
13451 TGCAGTATTT GTCTTTTGT GCCTGGCTTA TTCACTTAA TGTAATGTTC

```

FIG. 3-6

10003300-120601

13501 TCTAATTTCA TCCACATTAT TGCAAATGAC ATGATTTTCAT TCTTCTTATG
13551 GCTGTCTATA TGTACCACAT TTTATTTATC CACTCATCTG TTGATGGACA
13601 CTTAGGCTGA TTTCATATCT TGGTCATTGT GAATAGTGCT GTAATAAACA
13651 TGGGGGTGCA GATGTCTCTT CCATGGATTG ATTTCTTTT TTTTCTCTGA
13701 ATATAGACCT AGCACTGGAA TTGCTGGATC ATATGGTAAT TCTACTTTTA
13751 GTTTTTTGAG GATCCCTCAT ACTCTTCCCC ATAGTTCCTG TACTAATTTA
13801 CATTCCCTACC AACAGTCTGT GCAAGAGTTC TCTTTTCTCC ACATTCTTGT
13851 CAGCATCCAT TATTGCCTAT CTTTTTGATA AAAGCTATTT TAACTGGAGT
13901 GAGATAGTAC TTCATTGTAG TTTTAGTTCG CATTCTCTA ATGATTAGTA
13951 ATGTTGAACA TTGTTTTTAA TGTACCTCTT GGCTATTTGT ATGTCTTCTT
14001 TTGAGAAATG TCTACTCAGA TCTTTTGTCC ATTTTAAAT CAGATTTTTT
14051 TTTTGCAATT GAGTTATATG ACCTCTTTAT ATATTCTGGT TACTAATCCC
14101 TTGTCAGATG GGTAGTTTAC AAATATTTTC TCTCATTCAA CAGGTTCTTT
14151 AGTTCACTTT GTTGATGGTC TCCTTTGCTT TGCAGAAGCT TTTTAGCTTG
14201 ACGTAATCTA ATTTGTTTAT GTTTGCTTTG GTTGCCTGTG CATTGAGGG
14251 CTTACCTCAA ATTGGCCCAG ACCAATGTCC CGGAGTGCTT CTGTAATGTT
14301 TGTTTTTTAG TAGTTTCATA GTTTTAGGTC TTAAATGTGT CTTAATCCA
14351 TTTTGATTTT GTTTTGTAT CTGGCAAGAG ATAGAGATCT AATTTCATTC
14401 TTCTGCATAT GGATATCTAG TTTTCCCAGC ATCATTCTT GTGGAATTTG
14451 TCCTTTGCCC AATGTATGTT CTTGATGCCT TTGTTGAAAA TTAGTTGACT
14501 ATAAATGTGT GGATTTATTT GTGGGTTCTT TATTCTGTT CATTGGTCTA
14551 TGTGTCTGTT TTTATGCCAG TATCATGCAG TTTTGATTAT TACAGTTTG
14601 TAGTATAATT TGAAGTCAGG TCATGTGATG CCTCCAGCTT TGTCTTTTT
14651 TCTCAGAATC TTATATTTAG AAAAAAGTAA AGACTCCAAC AAAAAACCTG
14701 CTAGAACTGA TAAACAAATT CATTAAATTT GCAGGATACA ACATCAACAT
14751 ACAAATTTCA GCAGCATTTT AATATGCCAA GAGCAAATAA TCTTAAAAAA
14801 AAGAAAGAAA AAAAAACAAG AAATAATCCC ATTTATAATA GCTACAAATA
14851 AAATAAAACA CCTAGGAATA AACCATACCA AAGAAGTGAA AGATTTCTAC
14901 AATGAAAAC TATAAAACACT GATGAAAGAA ATTGAAAATG ACATTAATAA
14951 ATGGAAGGT ATTCCATGTT CATGGATTGC AAGAATCAAT ATTGTTAAAA
15001 TGTCATATG ATCCAAAACA ATCTACAGAT TCAATGCAAT CCCTATCAAA
15051 ATACCAATGA CATTCTTCAT TGAAATAAAA AAAAAGCCTA AAATTTAAGT
15101 GGAACCATGA AGGTAGATGT CTGCTATACA TAGAAGATTA AGTACTCAAC
15151 AAACCTTGAA TATGAAGACT GGGGAAGTGA ATAGGCAGCT TCACTCTTCT
15201 ATCCCTGGT GAAATTTAGG AGAATGGATG TTTTATAATG GGTAGCAGTT
15251 TCTTACATGT TCTCAATCAG CCATAACTTA CTACAGTCAA TTTGAATTTA
15301 TTGCATTTGA ATATATTGGA TTAATAATAA AATCCTAAAA AAGGAGAGAA
15351 GCACATATAA ACCTGCGTCT TATTTTCATGT GTTCCTTTCT TTGTGGGTGA
15401 CTTTTGTTTT GAAATAAAAC CTGCAAAATA ACAGGACAGG GTGGAAGGGA
15451 GATGGGATCC CCTCTTTATG AAGAAGCAGC AGTCCTGTT TATCACCTCT
15501 TCATTTTCTG TTATTGAGAA TTCAAGAAGA AGGAGGAGGA AGAGTTCACA
15551 TCCACAGACT GGTGTGGTTG AATAGTTGTC TCTACTGTAT TCCAAATAGC
15601 AGCCAATGAG GCTGTTACAG TGAAGCCAGT CCAAGATAA TTGTTCTGTA
15651 CCCCTATTCT CTAAGAAGCT AAATTGTGTT AGACTGAAAC CCATAAGGAA
15701 CCATTGTTCA AAGTTGGCTT GTTCAAAAGT AAAGATTTT AATAGTTTCT

FIG. 3-7

10003302 "120601

```

15751 CTTAATTAGA TTATTTTCTA AGACATAGAA TTATGATTAC TATTTTATCT
15801 CTATAATTTT CATCTCTATA ACGTTTACAA ATACTGAAAT AACCTTTGGA
15851 AAAAATTGGC TTTTAGCTTT ACTTTTGCAA TATTTTATTT TATCCCCATA
15901 AAAGCCTAGG AAATTGGTAC TATGACTTTT AGTATGTTCA TTTAATAGAT
15951 GAAAACACAG AAACCTCAAAG ATGTTAAATA TGGTGGCCAA GTTCACAAAG
16001 CTGATCATT AACAACACAG GGCCTGAACT CTGGTTTTTC TGATTTAATC
16051 TGTGACAGTG CACCTGGGTG CGCATGCATG CATCACCCCC ACACTTGCAC
16101 ATAGAACCTT TCCTAGTTGG CTTTGCTCCA TGATGACCAT TACTGTTCTT
16151 TCTACTTCAA AATAAGCAA TTATCCTACA GATTCAGAGC TGGTACAGGT
16201 GTGCTGTCAA GCAGCCCAT CCATTAGTCA GCTTGTGGTT CACTCACATT
16251 AAAGTATTGA CCTAAATGGT ATATTTATCT AGATAATTCT ACCTTGTTAT
16301 TTTCAAAGCC CCAGTCTTGT TTGCTAATTC TGTGCATCAT TTTTCTCTGA
16351 TTCTGAAAGG CAAAATTTTG TTGGGCAATT GCTGTAATAT GAGTTTTATC
16401 TCCTTTAGAG TCGAATGGAT GTGTATATGT CACATGCTCC CACTGGTTCA
16451 TCAGTACACA ACATTCTGCA TATAAACAG GTAGAGTCTT AGTCATGGAA
16501 AACCATTCCA ATCCTTATTT TCAATATATT TAAAAAGACA GAATTGACCC
16551 TGTTAACAGG CCTACCCTAA GAATCTTAAG AGCTTGCTTC CAGTTTGTCC
16601 TTGCTGCCTT CTGTATGCCT TGATTCCCT GGAATTTAAG AGAAAGGATG
16651 TTATGGTACA GACCAAGTAG ATGACATAAA TGAACACCAC CTTAAATCAG
16701 AGTTTTAAAA ATAGGCCCTG AACTGAAGCA AGAGGTAAAC TAGGGAAGCC
16751 TCAGGAGAAC TGAGACTTCT CCAGAGAGAA GTATCTGGGA TTTAACTTCT
16801 TTCTAATGAG GCTTGGTTTT CCATGAACTT TTCCTTTAAA CCAAGGGGGG
16851 TATTGCTCAT CTTTCTGTTG AGCCCCATTT GTCATAATTG TAAAATGGGT
16901 GGTTACATCC TTCTGGTGAT CTAGGAGCCC TATTTTCGTC CTAGCATACA
16951 GCATTTTTCT AAAATTTGCT GTTAGCTTTC ATGATTCTTA CCCTAACTAT
17001 TCTTTTTCTA AAAAACATTT GTTTCAGCTT TACCACTCTG ATGAATTCAG
17051 AGCTTATGAC TGGGGAAATG ACGCTGATAA TATGAAACAT TACAATCAGG
17101 TGAGCTATTT ACAGTAACCC CAGCATGCTG ATTTTGATAA ATTATAATAA
17151 AAAATTATTT GAGGGTGGAA AGACTCCTAC CTGTCATTTG GTGGCATTTA
17201 TACTGATAGA ACTTTTTTTT AAAAAAATTT TAATTTTAAT TTTAATTTAT
17251 TTCAGAAAAT TTATAAATTA AAGAAGCATA TACAAAGAAA CTTACATCAT
17301 GTGTAATCCT TCCATCCAGA GATAACTAGA TGTACTAACA TTTTGGTGTA
17351 TTTATTCCAA TTTTCTCAGT ATTATATTGC TTTTAGACAA CTTTAAATCT
17401 TTCTATTTTA CTTAAGCTAT AGTAAGAGAT AACTAATATA ACTGAGGGAT
17451 TTTTAAATGC ATTTTTAATG GCTACATAAT AGAAATTATT TCATAAAAAAT
17501 CTTTACAGCA TAAATGAATA TACACTTTTT AATACCAACA GAAAAATTAG
17551 AATTCCATAT GAAAGTTGAA TAAGTATTAC CCAACATTGA AACTTTGGGT
17601 CGTAAGGCAT CTTTCTCCAT ATAGCTTTAT GACATAAAAA TCTGTAGCCT
17651 TGTTTAGCAC CGTACTTTTA ATTAATCCTG TCACCATTTT TCTGTTCTCA
17701 TAGCCAGGGG CTTGGCTTAT AAGTATGAAC TAAGCAAACCT AAATTAAATT
17751 GTTTTAAGTA TTTTCCCAGG CTATCATATT TTAAGCTATT TACTGGTGCA
17801 ACTATAGATT ATTAATAAGT TGTTTCTGAG GATCAAAACA ATCAGACTAA
17851 TCAATTTCTC AATAATGAAT TGGCCTGTTA GAGGAATAAT TCTACTAATC
17901 CTTAAAACCA CTACAAGAGA TAGACCATGT ATATTTTATT TATTTTAAA
17951 AATAAGTTTA AGATGTGATT TACATACAAG AACATTACTA ATTTTGTGTG

```

FIG. 3-8

18001 TCCCATTAA TAAGTTTTGA CAAATATATT TATTTGTGTA ACCACACCAC
18051 AATCTAAATA TAGGACGTTT ATATCACCAC TAAAAGTTTT TTTCTGCTC
18101 CTGAGACTAT TTATAGACAC AAATGCGTGT ATTTGCAAAT GCTTAGAAAA
18151 GGTCTAGAAA AAAAAACAGT AAATGTTAAA GTGGTTATCT TCAGAGAGAA
18201 GAAAGAAGAA AAGAAGTGA TGGACATGAA ACAGTAAAGG ACCCTCATTT
18251 TGGACTTTAC ATATGTCTGT TTTCTTCCAT TATTTTGAAT AAACATGCTA
18301 TATTTATAAA TTATTTACAT TTACAAGAAA ATGAAACAAA ATCAACACGC
18351 ACATTCAAGA TCATTATGGT CAAGTACTAA AGTATGTGAG AGTGTTAATG
18401 TCCTTAGAAT TTGGCCACAG TTAGCTGGTC CTACTCTGCT CCAAGCCGGT
18451 CCTATTTTGT GAATTAATCT CATTTGATGC CAATTTTTAT TACATTCTCT
18501 CCAAAAACT AGTCTCAACA GTTTGCTCTC TCCTCAAGTT CACAGCATTA
18551 TCTCTGCTAT ATCTATATT TATTGAGTAT AAGAGAATTA ACCCATGTAA
18601 GCTCCATGAG GGTAGGGATT TCTCATCGTT TTGTTACCA GTGTTTTCTC
18651 ATCTTGAAGA GTACATGACA ATTACTGGGC TCCCAGTATC TATGTGTTGC
18701 ATTAATGAAA TTTCTTAACT TTAATCTACC TCAAATGTC TCTATCTTCT
18751 TGATTCTCTC CTTCTTTTCT CTATCAGAAA ATGATGGTCC TCTTATTTTC
18801 CAAGTTATTC CGGTCCTGTG CCCTTGATCC CATCTCTTCT CACTTCCCCT
18851 TCCTTCCTGC CTCATTCTC CTGTCCCTTA TGAAAAACAA GCAAGACCAT
18901 CAATTCATC AAGTTATCAT TATGTCATC TGTTCTTATC AACATATTTT
18951 TAGTATTGAA GAGGGCTTCT TCTACTTACT CCTGAACCTT GTACAATGTA
19001 GTTTAGGTCT TCATCTTTT ATCATAGCTA CCTTATTTAA AGTCACCCAT
19051 GGCTTTTAA TGCCAAATTC AATGGCCTAT CTTACCTTT TGAAATGTGT
19101 TATGTTGTT ACCACAGTCT CCTTGAACT CAGTCCCCTG ACTTGGAATT
19151 CCATAACACA ATGATTTCTG ATTTTCCTTC TGTTTGTGAT TGTTCTTTT
19201 GTCCCAGGCA CTGGCTACTC CACCTTCCAC CTCTCTGAAA TCATTAGCAT
19251 TCCCCAAGGA TTCTTCAAAA CTCTCTTCT TCCTTGGAGA AGTCAGCATA
19301 GCTTTAATTT GGACCATTTC TATGGCTTAT CTAGATTTT TCAGGACTTG
19351 CCTTCAACCT ATTCTTTCTG TAGGTGATTC CATTAAGTGT TGCCCATATG
19401 GTAGTCCGAA GACAGACCTC CGAGAAATGA CCCTTGTCTC CAAACTTCC
19451 GCAATATGTC CAAATTTCT AGCCTGACAT TCAGACTTTG ATTATCTGCC
19501 TCCAAGTTTA TATCCTATCA TATTCCTTTA TATATTCTGT TCTCCAGGTA
19551 CACTGGGAAG CTTGCCATTG CTGATCATAG CCTACAACT CTTCTGCCT
19601 CCCACTCACC CTCATCTCTG CTGTCAAAT GCAACCTTCC CTCAAGAGTC
19651 ATTTACAGG ACCCTCTTT CTATGAAGCC CTCAGGTGGA AATAATTTT
19701 TGCCTTTTTT TCCATTTTAT TTTTGGAGTG TTTATGGCAT TTAACATACC
19751 TACTTTTGTA TACAAATATT TGCCTTGCTC CCTCTTTTGC AAATTTCTTA
19801 AAGGTAGAGA CCATTGTATG TTTTCTTCAT ATGTTGCTGG TGCCTAACAG
19851 AACTATGGCC ATTGTCCACA TTCATTTAGC AGCCTTTGTA GTTATTGCTT
19901 TGAGGAGCTT CCTCTCATGA ATGCCCTTGC TTTCTCTCCC ACAGAGTCAT
19951 CCCCCTATAT ATGACCTGAC TGCCATGAAA GTGCCTACTG CTATTTGGGC
20001 TGGTGGACAT GATGTCCTCG TAACACCCCA GGATGTGGCC AGGATACTCC
20051 CTCAAATCAA GAGTCTTCAT TACTTTAAGC TATTGCCAGA TTGGAACCAC
20101 TTTGATTTTG TCTGGGGCCT CGATGCCCTT CAACGGATGT ACAGTGAAAT
20151 CATAGCTTTA ATGAAGGCAT ATTCCTAAAT GCAATGCATT TACTTTTCAA
20201 TTAAAAGTTG CTTCCAAGCC CATAAGGGAC TTTAGAAAAA ATGGTAACCA

FIG. 3-9

20251 ACAATGAGGT TGTCCCCCAG CACCCTGGGG GAGATGCACA GTGGAGTCTG
 20301 TTTTCCAAGT CAATTGTGTT AGTGTTATTT ATGTTTAGAG ACATCTTTGC
 20351 ATGGGACCAT CTACAGGTCC TTATAAACAA TGAGGTAGAT TAGGCAAAAA
 20401 GATAACAAG TTGCTACTCT ATCTGGCATT TAAGTCTAAT TAAATTGTAA
 20451 TTTTtagggc ATACCATGAA GTATAGAAAT GTCTGAAGCT TCAAAGGAAC
 20501 AGTGAAATTC CTTTAAGGTC CTATATGGAA ACCTCTGTTG TCATTTTATT
 20551 TATATGGATT GCTATGGCAA TGGACAGAGT GTGGGATTAG GAGGAGGGCC
 20601 TGTAACCTCT TTATAAAAGT TTCTTAGCTA TCCTGAAGAT GTATAGACAT
 20651 TTTTACTTTT TTAGGTATTT TCAACATCAG AAATTCAAAA AAGTCCCCAA
 20701 AGATTCTTCC AGAGAAGCCC TCTTTTCTTA CAATCTTATC CCTGGCTATC
 20751 TGC GTAAACG GAATCTTGAA CCCATAATAG GATACATGTA TAAAATCTTC
 20801 CTTATTAAAG CAGAAATAAA TTGTACAGCA TCAATATCAT TTTATAATCA
 20851 TAGGGAGGCT TCTTTGTTTA GCATGTAATG CCCCCTTTAC AGGCTTTTTG
 20901 TTCTTTGAGG GGT TTGAACA TTCCATGAAA AACTGACAGA TAGGAAACTG
 20951 ACAATAAAAG ATTGAGCTAA AGATGGAAGC AGAAAGTACT AGGCTAGATA
 21001 GTCTCTAAAC ATTAAGTATT TTCTTCCTCC ATCTTAAAAG CAATGAGAAG
 21051 CCACCAAAAT ATTTTACCTA ATGGAAACCT GATTGCCGCA TTTTGTAAAC
 21101 CACCACTTTG GCTGCTACAT AGAGAATGGA TTAGAAGATG CCAACAAAAG
 21151 ATTCTGAGCA AGTCTGTAAG TCTGATCAAG TGTTCTGATG CAGGCTGATA
 21201 TCCTTCTGTG CTAAGAGAGA TGATCCTTGG AAAATCCAGA GCCAGCTCCA
 21251 TAATACTTTC CTGCTCTGCT GGCAAATCCA CAAGCTGCTG GCCCCTGGAG
 21301 CCATTCTTCT CTCAAACTA GCATTCATCA ATTTAATGTA TACGTATTGA
 21351 TGGGGAATAA TGGTCACTAT GAAAACCATG TGATAATATG GAAAAATACC
 21401 CATGATATAA TGTTATGTGA AGAGAAGAAA ATGAAACTGG TAGAACTATG
 21451 TGATTGCAAA TATATACAAA TATTA AAAACA ATTATATGAC TTTATAAAAT
 21501 ATTTGTATAT AATGAAAACCT GAAGCAATAT AAAAAATAAA ATTAGTTGTG
 21551 TCAGGGTAGT AACATGATGA GTGATTAATA GTTTTAAATT TTTAATATAG
 21601 TAATGACATA ATGTTACAAC TTGTCCAAAT CTCACAAACA TAATATTGAG
 21651 TAAAGGAAGA TAAACATAAA AGAATACATA TTTTATTATA CATTTTATG
 21701 TAGGCTAATT GATGGTTCTG AAAGCCTTAA AAAGCTTACT TTTAGGAGGA
 21751 GAATCATGCC TTGGAGGACT CTAGGGTCCA GAAAAATGTC CTAATACTAG
 21801 AGCTAGGTGC AGTCAGATTA ATTATAATAC ATTTTATTAT TTTGTCTGGA
 21851 ATACCAAGAT GACTTCCAAG CAGGAATGGA GTCTAGCAAC ACTTTACTGA
 21901 TGGGGAACCT GGCCACAGAC TTGTAATACA AATTTTGGGA TATGTTGACA
 21951 ATGTTTCTCC TTATTTTCT TACTTATACA AAGCAAGAAA TTTGGCTCAC
 22001 AACCTTGAAA CAGACTTACC AGGTTCTCTC AGTTTCCCAA GCCTCAATAT
 22051 CTCATTGCTA TTTTAA

(SEQ ID NO: 3)

SNPs:

DNA		
Position	Major	Minor
165	G	A

FIG. 3-10

10003300-120601

226	A	G
231	T	C
359	A	-
544	G	T
598	C	T
1621	A	G
2330	C	T
2498	A	G
2791	T	C
2877	T	C
2879	T	C
2912	A	G
3076	G	T
3745	C	G
3752	T	-
3762	-	C T
3833	A	G
4399	T	C
4945	A	G
5056	A	G
5280	T	A
5790	A	G
5901	C	T
6457	C	T
6632	T	A
6763	A	G
6955	-	T C
7017	T	G
7151	G	T
7308	C	G
7321	T	C
7542	C	T
8597	T	C
8803	C	T
9016	G	A
9967	T	C
10008	C	T
10363	G	A
10684	T	C
11177	G	T
12345	T	C
12349	C	T
13115	C	T
13354	T	A
13373	C	G

FIG. 3-11

10003302-120604

14677	C	G
14734	G	A
14747	A	G
14808	-	A
15086	-	A G
15414	A	G
15722	T	C
15861	T	C
16264	A	T
16314	G	A
16877	A	G
16966	T	G
17147	A	G
17219	T	C
18628	A	G
18655	T	G
18984	G	T
19407	C	T
19531	T	C
19911	C	T
20199	A	G
20243	G	A
20640	T	C
21156	G	C
21163	A	T
21425	G	A

Context:
DNA
Position

165 TTATGGCCTAACCTTTTTAACTTTGAGTTATTTTCAAGAGAAAATTTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAG
[G,A]
TAGATCCCAAAGTCAAGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGA
ATGAGTAACCATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGACTGAGATTT
CAAAAATACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTT
TATTAATAAAAAAAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTG
TATCCACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCAATTTAAATTAATTTTCAGTATGAG

226 TTATGGCCTAACCTTTTTAACTTTGAGTTATTTTCAAGAGAAAATTTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAGGTAGATCCCAAAGTCA
AGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGA

FIG. 3-12

[A,G]

TGAGTAACCATCATTAAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTCT
AAAAATACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTT
ATTAATAAAAAAAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGT
ATCCACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGT
ATTGAAATATATAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATAT

231

TTATGGCCTAACCTTTTTAACTTTGAGTTATTTTCAAGAGAAAATTTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAGGTAGATCCCAAAGTCA
AGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAG

[T,C]

AACCATCATTAAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTCAAAAA
TACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAA
AAAAAAAAAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCC
ACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGA
AATATATAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAA

359

CTTTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATG
TGTTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAGGTAGATCCCAAAGT
CAAGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAGTAACCATC
ATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTCAAAAAATACCACA
GGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAAA

[A,-]

AAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCCACAGGGCC
AAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGAAATATATA
ATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAATATATAT
TACAGAATATATTATTAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATACT
CAGTAATATATTAAATACTTATTAATAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCAT

544

GCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTCAAAAAATACCACAGGCCT
TCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAAAAAAA
AGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCCACAGGGCCAAGG
ACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGAAATATATAATAG
AAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAATATATATTACA

[G,T]

AATATATTATTAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATACTCAGTA
ATATATTAAATACTTATTAATAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCATTGTGA
GAAAGTTTCAGCTTTATTTCTTTGACATTACTTTGTTTCTGCACAAACAAAAAGATTACA
GGAATTGTCCAGATTATTCAAATAACTCGAAGTTGAGGAGGAATATAAGTCAATGATGT
AGAAACTCTTTTAAGATTTGAGCTAGCCTACAATCTGTAAAGATCTGTGAAATTGAACTA

598

AGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAA
AAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCCACAGGG
CCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAGTATTGAAATATA

FIG. 3-13

TAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAATATAT
ATTACAGAATATATTATTAAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATA
[C,T]

TCAGTAATATATTAATACTTATTAAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCA
TTGTGAGAAAGTTTCAGCTTTATTTCTTTGACATTACTTTGTTTCTGCACAAACAAAAGA
ATTACAGGAATTGTCCAGATTATTCAAATAACTCGAAGTTGAGGAGGGAATATAAGTCAA
TGATGTAGAAACTCTTTTAAGATTTGAGCTAGCCTACAATCTGTAAAGATCTGTGAAATT
GAACTATATTTGTGCTATTTCCATATTAAGTCAAGGCAACAAATCAATATTAATAATAAT

1621 CGGCTTAAGCTCCACAGGCATACAAAGTGAAGCAGAAAAGTGAAGCAGGTGTGCCTCCAT
TATCTGGTATCTCATGTGGGGCTTAGAGGTAAATTGTCGTTATTTGGCCTCCATTTCTGC
CTTTAACCACTGGTGTAACAAAGGTTACTGTGCCAAAGTTGACAGCAACCCAAATCCCT
TTGGCATGTGAATTAGTTTCTCTGCCATACTGCTAGTTCCAAATTCCTTCTGGTTTCAG
GATTTAGGAGTCAGGGTTGCCTCATCTTCTCAAATGAGTTACAGTCACGCACATCCCTAC
[A,G]

CACTGCATGGTTGGCACTAGTTCCTTGATATATGTTACTCCGTTTGATCCTCATGAAGGA
TCAAATGGGGAAGGGAGATACTATTGTCTCTGATTGTCCATTAAGATCTTGAGTATGTTT
TACTTCCCTGTTTGACACACTGGTTTGAAAATGTTGCTAAGTCTTCCCAACAATGACAGA
TACTCAGTGGAACATGAAGGATTCCGTCAAACCTGGTTATTTTGCATCATGTAGACCACT
ATTTCCCAACCTGCAAGTGCATCATGGCCTTTGGTGTGTGAGGGACACGCCTTGGGTGTG

2330 AAAAGTTCAGAAGTTCCTCATCAATAAGGAGTCCTTGTGAGCAGGTGAAGCTCATCTAAC
TAGGTAAGATGAAGATCTATCATAACCAGGAGGCAGGTTGGAAGGTGCCAGTTGCACTGG
CAGTCAGGTGCAAGAGCTCTGCAGTGAGGCTGCCTGAGTGTCCATCCTAGATCTCTCACC
TCTTGGCTCTGTGACCTTGAGCAGGTCTTAAATCTCTCTAAGCCTTTGTTTTTTTAATTG
ATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTTCAGAGCTTAAATAACATA
[C,T]

GTGAACTATTTAGAGTAATGCCTGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTATTATTAGTTTCAT
ACAATTTGAAAAGTTTCATAATATTTGCAGATATAAGATGATCTTCAACCAGATAGCTAA
TGTATGCAAAGCTATTTAGCTTCAGAAGTAACTCTGCATTTCTAGAAGTTAAATATTAC
TTTGTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTCACTTTTATAAGAAAAATAGT
GAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTA

2498 AGATCTCTCACCTCTTGGCTCTGTGACCTTGAGCAGGTCTTAAATCTCTCTAAGCCTTTG
TTTTTTTAATTGATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTTCAGAGC
TTAAATAACATACGTGAACATTTAGAGTAATGCCTGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTA
TTATTAGTTTCATACAATTTGAAAAGTTTCATAATATTTGCAGATATAAGATGATCTTCA
ACCAGATAGCTAATGTATGCAAAGCTATTTAGCTTCAGAAGTAACTCTGCATTTCTAGA
[A,G]

GTAAATATTACTTTGTTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTCACTTTTAT
AAGAAAAATAGTGAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACT
TAATCCTCACTATAACCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGG
AAACCAAGAGACAAAGCTACTAAACACTTGCCCTGAGGTTAGACATCTTCTTCTGTGGTG
AGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTT

10003303-120601

- 2791 TTCTAGAAGTTAAATATTACTTTGTTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTC
ACTTTTATAAGAAAAATAGTGAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTAT
ATATGACTTAATCCTCACTATAACCCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTAC
TAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTT
CTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCA
[T,C]
GCTGTTTAGTGTTATAGTGTGGTCTACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
GTCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCAT
TTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAAGTGGGATACTCCACTTTTTACTT
GGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAA
- 2877 ATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTATAACCC
TATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCT
ACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTCTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTT
AGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTGGTC
TACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATA
[T,C]
GTAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAA
GCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACT
GGGCTTAAGTGGGATACTCCACTTTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCT
GAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTG
ATTAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTCATTTTAGGAACTG
- 2879 TTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTATAACCCCTA
TGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTAC
TAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTCTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAG
ACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTGGTCTA
CCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATG
[T,C]
AAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAAGC
TTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGG
GCTTAACTAGGGGATACTCCACTTTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGA
ATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGAT
TAAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTCATTTTAGGAACTGGA
- 2912 TATGACTTAATCCTCACTATAACCCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACT
AACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTC
TGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCAT
GCTGTTTAGTGTTATAGTGTGGTCTACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
[A,G]
TCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATT
TTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAAGTGGGATACTCCACTTTTTACTTG
GCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAAC

FIG. 3-15

FIG. 3-15

AAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGATTAAAATAAGACCAAAATGCCTCCATACTTGAT
TAAATTTATTTTATTTTAGGAACTGGATTATAATCAAGACAACCTTCTACATGAAAAATA

3076 CTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTCTACCTTTGAATAGACATAC
TTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGTAAATTTGCCTTTGGG
TGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAA
AGTTTTATTGATCCATTTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAACTAGGGGATA
CCTCCACTTTTACTTGGCCATGGTATGAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTG
[G,T]

CAAATTGTAGGCAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGATTAAAATAAGACCAAAAA
TGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTTATTTTAGGAACTGGATTATAATCAAGACAAC
TCTACATGAAAAATAGATTAATAGTGCTCCAAGTTAGTTCACTGTATTTATTCCTTTTT
ATACATTATCTGCCTTCGGTGTTATTCAAGTTTTCATTAATCATTAAATAATTTCACTAAT
CATTTTATTTTATTAATCAACATTGATAGTTAAAATTAATCTGTGAATATTAATGTTTT

3745 TGGTGGATTCCCTTGATTTGGAAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAG
TCATGGAAAACTGTGAAGAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAA
AGGTCCTGTTGTAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACC
TCTGCAAGAGTCAAGCTAGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAA
AACCAAAATTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT
[C,G]

TATCTATCTATCTATTTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGT
TTTAAGAATATCAAGCTATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCT
ATTACTTTTAAAGCAAGAGGGGTCTCAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCA
GAAAGAATGGGTCAATGCTAAATTTTCCCCCAACCCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGA
TATTTTTTAAAATTCTACTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACC

3752 TTCCTTGATTTGGAAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGGA
AAACTGTGAAGAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCCT
GTTGTAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCA
GAGTCAAGCTAGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAAAACCAAA
TTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTA
[T,-]

CTATCTATTTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGA
ATATCAAGCTATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTT
TTAAAGCAAGAGGGGTCTCAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCAGAAAGAA
TGGGTCAATGCTAAATTTTCCCCCAACCCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTT
TAAATTCTACTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCT

3762 TGAAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGAAAACTGTGAA
GAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCCTGTTGTAACAG
AAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCAAGAGTCAAGCT
AGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAAAACCAAAATTGTGCTATT
GTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATT
[-,C,T]

FIG. 3-16

ATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGAATATCAAGCT
ATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTTAAAGCAAG
AGGGGTCTCAAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCAGAAAGAATGGGTCAATG
CTAAATTTTCCCCCAACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTTTAAAATTCTA
CTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCTACAAATTTCA

3833 AAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGTCTGTTGTAACAGAAAATCTCTGA
TAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACTCTGCAAGAGTCAAGCTAGTTAGATCTT
TGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGTAATGAAACCAAATTGTGCTATTGTGCTATCTAT
CTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATTTATCTATCTAT
CTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGAATATCAAGCTATTTGTTGAT
[A,G]

TACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTTAAAGCAAGAGGGGTCTCAA
AAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCAGAAAGAATGGGTCAATGCTAAATTTCC
CCCAACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTTTAAAATTCTACTTATTTTGT
TTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCTACAAATTTTCAAGATAATTCACC
CTAATAAGCACACAACAGATGGTTTGTGTTGATTCTTTTTATATCCTTTGGAGAAGTTC

4399 GTTTTGATTCTTTTTATATCCTTTGGAGAAGTCCACTAACGACTGTATTTTTACTGGG
CAGAGTGAAATCATCATCTACAATGGCTACCCAGTGAAGAGTATGAAGTCACCACTGAA
GATGGGTATATACTCCTTGTCACAGAATTCCTTATGGGCGAACACATGCTAGGAGCACA
GGTACAAGATATGTCTCTCCTGAAAAGGGGACTGCATTGACCTCCTGCTTCTCAGGAGGA
ATTTAATGCTAGATATGCATCAACAGAGTTTATCAAAATTGGTTTGAATTATTGGATTAG
[T,C]

CTTTAAATAGTTATCAGGGAGGCTCACTCTTTGCCTGATAATTCTCTGAAGACAGACAGG
AACCTAAAAATACAAACAGCAAGACTGATCTTGCTAACTGCAACCAGAGGTACTTGTTAG
GGTGTAACAGAAAGGCAGAGCCTGCATTTTGTACCTCATTACTGATTTATCATGTGGA
AAATTGCTTTGTCCCAGGAAAATGGATCCTCTCATTGTGAGAAGGAGATTTTCTAGGTTG
TATGAAATTGACTCTGGGGCACCCAAGAAGAACCTCTCCTGCTCCCACTAAAATTAAGGG

4945 AATTGACTCTGGGGCACCCAAGAAGAACCTCTCCTGCTCCCACTAAAATTAAGGGGCCTC
CCTCTGCAGGATAAAAAACAATCTAGTTAAATGACAACGCATTTCTGAAAAGTTTTCCAG
GACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTTGATCTAAGGGACAGACGGTTCATAGAATG
AAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCATGCCATAGCA
GGGGAATGATACTCCTTAAAAGGGAAAATTTAACTACAAATCCTCTGAAGTAGAAAATGAT
[A,G]

AGAATAACCAAAATATCTGCAATGGTTCAATAGCAAATAATTTATTGGCAGCTGCTTACC
GTGTTCATTTTGCATCTTTTTTCCCACCACACATATTAAGGAGCAGCTGAAGTCATGTTT
GACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAGAATGAAAATGAGAGTGAGATATGAGT
AGTTTTACTAGTTAAATATGAAACACCCAGTTAAATTTGAAGGTCAGATAAACAAACAA
TAATTTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACTAAAAAGTCATTATTTATTCACTATTA

5056 GTTTTCCAGGACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTTGATCTAAGGGACAGACGGTT
CATAGAATGAAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCAT
GCCATAGCAGGGGAATGATACTCCTTAAAAGGGAAAATTTAACTACAAATCCTCTGAAGT

FIG. 3-17

10003303-120601

10003302 "120604

AGAAATGATAAGAATAACCAAAATATCTGCAATGGTTCAATAGCAAATAATTTATTGGCA
GCTGCTTACCGTGTTCATTTTGCATCTTTTTCCACCACACATATTAAGGAGCAGCTGA
[A,G]

GTCATGTTTGACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAGAATGAAAAATGAGAGTGA
GATATGAGTAGTTTTACTAGTTAAAATATGAAACACCCAGTTAAATTTGAAGGTCAGATA
AACAACAAATAATTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACTAAAAAGTCATTATTTAT
TCACTATTATCACTATTTATAAAATTTGTAGAGCATCCTGGATCTTTTTGCTTACTTTT
GTTTTATTTTTTGCTAAATCTGGCAATCCAGGCACATGTGTGAAGGAGCTGTGAAATA

5280

AAATAATTTATTGGCAGCTGCTTACCGTGTTCATTTTGCATCTTTTTCCACCACACAT
ATTAAGGAGCAGCTGAAGTCATGTTTGACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAGA
ATGAAAAATGAGAGTGAGATATGAGTAGTTTTACTAGTTAAAATATGAAACACCCAGTTA
AATTTGAAGGTCAGATAAAACAACAAATAATTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACT
AAAAAGTCATTATTTATTCACTATTATCACTATTTATAAAATTTGTAGAGCATCCTGGA
[T,A]

CTTTTTGCTTACTTTTGTTTTTATTTTTTGCTAAATCTGGCAATCCAGGCACATGTGTG
AAGGAGCTGTGAAATATAAAAGGAGAAAACTTTTATGGGAAAGATTTGGCTTAAGGAGAG
ATAATTTTGGAAAGATTTAGAATTAAAGATCATTCATTAGATGTAATGTTCTAAATACTT
TATATCAGTTAAACTTCTCATCAACAATATGAGATGGGTACCACTAATAGTCACCATTTC
ACAAATGATGAAATTAAGGCACAACCGGTTATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGC

5790

TGAGATGGGTACCACTAATAGTCACCATTTACAAATGATGAAATTAAGGCACAACCGGT
TATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGCAAGCTGACAGACCAGAATTTAAGCCCAGG
CATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTTAGTCATTAAATTATAGTGCCTTACTTGACCTTC
CACCTGGTTACTTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCTCTCCCTCAGAAATACTGGAAGTTG
GCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTTTAAATGCTCTCCACTGGACAGA
[A,G]

GATGGGGGATTTGAATAGAAATTTGGTGAGGAACTAATCAGTGTCCATTTACACTCACCT
CCTCTTCCCTCCCTGGAAGAGCTATAGGACTTGAGTAAGCATGATAAATTTCTGTCTTTG
TAAACCACACCCAGGAAATTTGTATATACAAATACATAGAGCACAGTAGTTATCAGGACA
GACTTTGACATAAAAAGAACTGGGTTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTTATCTGGGTGGC
CCTCTGGGAAAGTTACTTAACTACATAAAGTTTTGTTTCCATATCTACAAATGAGGTTT

5901

AAGCCCAGGCATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTTAGTCATTAAATTATAGTGCCTTAC
TTGACCTTCCACCCTGGTTACTTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCTCTCCCTCAGAAATAC
TGGAAGTTGGCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTTTAAATGCTCTCCA
CTGGACAGAAGATGGGGGATTTGAATAGAAATTTGGTGAGGAACTAATCAGTGTCCATTT
ACACTCACCTCCTCTTCCCTGGAAGAGCTATAGGACTTGAGTAAGCATGATAAATTT
[C,T]

GTGTCTTTGTAAACCACACCCAGGAAATTTGTATATACAAATACATAGAGCACAGTAGTT
ATCAGGACAGACTTTGACATAAAAAGAACTGGGTTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTTAT
CTGGGTGGCCCTCTGGGAAAGTTACTTAACTACATAAAGTTTTGTTTCCATATCTACAAA
ATGAGGTTTCTCAAAATAGCAGCTAGTTTATAGAGTTGTTGCAAGAATTTAGTAAGCTAA
TACATATAAATACGTCAACATAGCACCAGGTACAAAAATATGTGCTCAAGAACTGAAGT

FIG. 3-18

10003302-120604

- 6457 CAACATAGCACCAGGTACAAAAATATGTGCTCAAGAACTGAAGTTACCTGATTATAATG
CTCTATACTATTGACAAGGGAAAAAGTGAAAACAGTTTTTGTGTTTACCATGTGTGTATGTG
TGTGTGTCTGTGATGTTTCCGACATGCTCTATTTAACATAAATTACTCTCACTCTTTCTC
TCTCTCTCTTTCTCTTTCTCCCTCTCTCATCTTACCCTTTCCCCCACCAGGTCCCCGGCC
AGTTGTGTATATGCAGCATGCCCTGTTTGCAGACAATGCCTACTGGCTTGAGAAATTATGC
[C,T]
AATGGAAGCCTTGGATTCTTTCTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGAAACAGT
CGGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGG
GCCTTTAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACTCAAGGGGGAAATTGGAGGCAATTTTAAAAA
AATAACGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAG
TTTCTGTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTC
- 6632 TTCTCTCTCTCTTTCTCTTTCTCCCTCTCTCATCTTACCCTTTCCCCCACCAGGTCCC
CGGCCAGTTGTGTATATGCAGCATGCCCTGTTTGCAGACAATGCCTACTGGCTTGAGAAT
TATGCCAATGGAAGCCTTGGATTCTTTCTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGA
AACAGTCGGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAA
TTCTGGGCCTTTAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACTCAAGGGGGAAATTGGAGGCAATTT
[T,A]
AAAAAATAACGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCT
TGAGTTTTCTGTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGA
TTCTCCACAAGCAAAGTATGGCATTTCACCAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAA
TTCTATGCATTAAGATATGTCCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGC
ACATTCATTGACCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAAC
- 6763 AAGCCTTGGATTCTTTCTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGAAACAGTCGGGG
AAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGGGCCTT
TAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACTCAAGGGGGAAATTGGAGGCAATTTTAAAAAATAA
CGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAGTTTTCT
GTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACA
[A,G]
GCAAAGTATGGCATTTCACCAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATT
AAAAGTATGTCCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCATTCA
GCCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGG
GAACAGACAACTCTGACCTCACAAAGCTTATGTTTCATTTTAGTGATAATTTTACAAGTC
ATTGCTCCTGGATTGCCAATCACTGTGTAAGATGATTGGACCAGGACCTTATTGATT
- 6955 TAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAGTTTTCTGTTAAGATCTCA
AAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACAAGCAAAGTATGG
CATTTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAAGTATGTC
CAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTATTGACCAATGTTTA
CTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAAA
[-,T,C]
TCTGACCTCACAAAGCTTATGTTTCATTTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGA
TTGCCAATCACTGTGTAAGATGATTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGT
GATTGATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACTCCAATATTA

FIG. 3-19

GATTTTTAAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTT
TTAATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTC

7017 GGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACAAGCAAAGTATGGCA
TTTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAAGTATGTCCA
AAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCATTACGCCAATGTTTACT
GAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAACT
CTGACCTCACAAAGCTTATGTTCATTTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGAT
[T,G]

GCCAATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGA
TTGATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCCAATATTAGA
TTTTTAAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTTTT
AATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTT
TCTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTC

7151 GAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCATTACGCCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTA
TGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAACTCTGACCTCACAAAG
CTTATGTTCATTTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGATTGCCAATCAACTGT
GTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGATTGATTTAGAGAA
ACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCCAATATTAGATTTTTAAAACCTT
[G,T]

TTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTTGATATCTTGTTTCTTTTAAATGGAAGAGTTTT
CTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTTCTTCAGGCCTAAG
CTCCCTGTTGGTTTGTAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCCTATTACATTAATA
AAACATTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAATAGAATGTTATAG
TCTGAGTTCTTGGGCAGGGCAAGCATCAGGAAATATTGAATCATTAGTCTTTAGGAGGT

7308 CTCCTGGATTGCCAATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGA
GAACTGTGATTGATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTC
CAATATTAGATTTTTAAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCT
TGTTTCTTTTAAATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATA
GACTTTTCTTCTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAACCTGATGCTAGAACAGA
[C,G]

TGTGTATTCCTATTACATTAATAAAACATTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGG
AGGAATAGAATAGAATGTTATAGTCTGAGTTCTTGGGCAGGGCAAGCATCAGGAAATAT
TGAATCATTAGTCTTTAGGAGGTGTACAACAATCTCCTATTCTTGTAAGTCCCAATCT
ATAGATTTCTCCTACATGTTCTTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATACCTGATTT
GACTAAATGTTATATAGGCCCTTTGTTCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTAGTACTA

7321 AATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGATTG
ATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCCAATATTAGATTT
TTAAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTTGATATCTTGTTTCTTTTAA
GGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTTTCT
TCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCCTA
[T,C]

FIG. 3-20

TACATTAATAAAACATTTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAATAG
AATGTTATAGTCTGAGTTCTTGGGCAGGGGCAAGCATCAGGAAATATTGAATCATTAGTC
TTTAGGAGGTGTACAACAATTCTCCTATTCTTGTAAAGTCCCAATCTATAGATTTCTCA
CATGTTCTTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATACCTGATTTGACTAAATGTTAT
ATAGGCCCTTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTAGTACTATGGAATATTGGTA

7542 GCGATAGACTTTTCTTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAG
AACAGACTGTGTATTCTATTACATTAATAAAACATTTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGA
ATAGTGGAGGAATAGAATAGAATGTTATAGTCTGAGTTCTTGGGCAGGGGCAAGCATCAG
GAAATATTGAATCATTAGTCTTTAGGAGGTGTACAACAATTCTCCTATTCTTGTAAAGTC
CCAATCTATAGATTTCTCACATGTTCTTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATAC
[C,T]

TGATTTGACTAAATGTTATATAGGCCCTTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTA
GTACTATGGAATATTGGTATATATTAAATATATATCTATATATCCATGTGGACAGGAATA
CTACTACTAACAACATCTTACTGAGCACCCTGGCAGCCAGAGTCGTTTCTTTCATACT
ATTAACCCCGTTAGCAGCCCCGTAACCCAGGTAACCTGTTTATTTCCCAAATGAGA
AAACATAGGCTCAGAGCATTTTCAGTAATTTCTCAAGAGTTGCAAAGGCCATAAATAGTAG

8597 ATAAACTGGTCAGGAGAAATTGTATTTCAATTGGACATTCCTTGGCACTACAATAGGTA
TGTTTATGAGGGTCACTGTTAGGTGTGTTTTGAGGGTCAGTTTTCTCAGAGTCTTACAG
GAGTTCACCTTTATGTTGGAATAAAACAAGTGTACTTATAGTGCCTCAATTCCTGTCT
CTCTGCTGGAATAACCTAGTACTCTAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTGCACAGACTATA
TGTAGGGCAAACCTTTCTGGGTCTCTGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTGATGCAA
[T,C]

TTCCCAGGAATAACATGTGTTCCAAATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTTCTAG
ATTCCTCTGAGCTGAAAAAGTAAATTCATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAA
ATGTGCATCAATCATCTCTTTCTCACAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAGGGAA
GGGCTTATACCTATATTTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTTGG
AACACACAAGCTTACTATAATAAATCAATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAGTA

8803 TAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTGCACAGACTATATGTAGGGCAAACCTTTCTGGGTCTC
TGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTGATGCAATTTCCAGGAATAACATGTGTTCCAA
ATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTTCTAGATTCCTCTGAGCTGAAAAAGTAAA
ATTCATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAAATGTGCATCAATCATCTCTTTCTCA
CAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAGGGAAGGGCTTATACCTATATTTAAACAAA
[C,T]

TGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTTGGAACACACAAGCTTACTATAATAAATC
AATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAGTATTTATGAAATAGCAAGTAAATGTAAG
CACTATGTAGAAATTTCTAAAGTTTTTAAGCTGACAACTTACTTCTTAATTTACTTACT
TTACTTAATTTACTTTACAATTTACTTTCCAGGTATTTTGAAAAGAAATCAATAATCTAG
TTCCAAGTAAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAATAAAAGCTTTGAATTTGTCATTGAACT

9016 AAATGTGCATCAATCATCTCTTTCTCACAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAGGG
AAGGGCTTATACCTATATTTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTT
GGAACACACAAGCTTACTATAATAAATCAATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAG

FIG. 3-21

TATTTATGAAATAGCAAGTAAATGTAAGCACTATGTAGAAATTTCTAAAGTTTTTTAAGC
TGACAACTTACTTCTTAATTTACTTACTTTACTTAATTTACTTTACAATTTACTTTCCAG
[G,A]

TATTTTGGAAAGAAATCAATAATCTAGTTCCAAGTAAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAA
TAAAAGCTTTGAATTTGTCAATTGAACTTCCACTAAAGTTTCCAATTTTAAGAGAATAAAT
CATGTGAAAGTGCAATATTTTCAAGTTTGGGAAATATTTTCAATTATCACCCTATCATCAG
TAACAAACATATATTCATTAGTATTTTAGATTGACAGGCACTTTCCAAGCTCAGAACAGG
CAGTTAGCATCAGTCAGCATATACTAAAAAAGTATCAAAGAAGTATAGGAGATCAAAAA

9967 GTTTCATTTAGGACATAAATATTTTTAGTGACTGTTGTTTGCATTTTGGACAGAGCAATT
TCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTTGTAGGACATTTAGTAGGTCCCAGCCCATTAAA
CAGGGCTCTGCAGTCAGCGTGACCCCTCAAAAATCTCACCTCCACACATTTCCAAACACCC
TCTGGGAAGTACTATTCTGATTGAGAGTCTTTTATCAATTGTTGAGTCAATTATTTT
AGTTCTTCTTTTCTGGCCAAGACAGTTTAAATGTTCCAACAAGTGTTCAGTACACACA
[T,C]

ACACACACACACACACACACACACACACACACATGCTAGTGAGGCCCAGGAAGGG
ACCTCTGGAACCAAATTATATGGATATTCTCCCTAGCCTACCCAGTGTTGTGCTAATCT
CCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGA
GATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTAGGGAAGCCCCCTTTCTTTTGGAAA
CAGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACACTGGGAGCAGTGAAATTTT

10008 CATTTTGGACAGAGCAATTTCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTTGTAGGACATTTAG
TAGGTCCCAGCCCATTAAACAGGGCTCTGCAGTCAGCGTGACCCCTCAAAAATCTCACCTC
CACACATTTCCAAACACCCCTCTGGGAAGTACTATTCTGATTGAGAGTCTTTTATCAA
TTGTTGAGTCAATTATTTTCAAGTCTTCTTTTCTGGCCAAGACAGTTTAAATGTTCCAAC
AAGTGTTCAGTACACACATACACACACACACACACACACACACACACACACATGC
[C,T]

AGTGGAGGCCCAGGAAGGGACCTCTGGAACCAAATTATATGGATATTCTCCCTAGCCTA
CCCAGTGTTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTG
AAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTAGGGA
GCCCCCTTTCTTTTGGAAACAGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACA
CTGGGAGCAGTGAAATTTCAATCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAACTGGGTG

10363 AGCCTACCCAGTGTTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTA
CTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTA
GGGAAAGCCCCTTTCTTTTGGAAACAGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGT
AAGACACTGGGAGCAGTGAAATTTCAATCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAAC
TGGGTGATGCTGCAGAAAGAAATCAATTCACCTCCTGTGACTGATTATTTGCTTCTGGAA
[G,A]

CTCTGTGATTCAATCTGGCATCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATTT
ACCCCATGCTTGGGAAGTTTACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTTAACCATCACCTTT
CCCCTGCCAACTACTCATTTCCCCAATCAAGTCAAAGTGTCCATAAATAGAATAAAT
AAAATTGGAGACTTGAGAGCAGAGAAGACTGAAGGCAGATTATCTTTATAGAATAACTCA
GAAGACTTCCAATTCATCCCCAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAAATGACTAAGCAGAG

10003302-120601

100330-120601

- 10684 TCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATTTACCCCATGCTTGGGAAGTTT
ACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTTAACCATCACCTTTCCCCTGCCAACTACTCCATT
TCCCCCAATCAAGTCAAAGTGTCCATAAATAGAATAAAATAAAATTGGAGACTTGAGAGC
AGAGAAGACTGAAGGCAGATTATCTTTATAGAATAACTCAGAAGACTTCCAATTCATCCC
CAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAAATGACTAAGCAGAGCCCCAATTTTGTAGAAACA
[T,C]
TGCCTAAGTATTTATTTTACAAGATTGTCTTATCTCCTGTTCTCTCAGGGTTTGTAGCC
TTTTCCACCATGCCTGAACTGGCACAAGAATCAAAATGAATTTGCCTTGGGTCCTACG
ATCTCATTCAAATATCCACGGGCATTTTACCAGGTTTTTCTACTTCAAATTCATA
ATCAAGGTAGGCTCCTTTCAACAAAATGTACCTGAGGATCTCATTTTGGATCATAAATCC
TTATTATTTTCAAATCTACTGTAAAGTAAAAGTAGGAAATTTAGATAAAATCTATAGAAC
- 11177 TCCTTTCAACAAAATGTACCTGAGGATCTCATTTTGGATCATAAATCCTTATTATTTTCA
AATCTACTGTAAAGTAAAAGTAGGAAATTTAGATAAAATCTATAGAACTTAGACTCTGTG
GGTATGTGCTTGTGTATGTGTGTCCCTGCGTGTGCGCATGTCTGTGCCATAGTATCTGCA
GGTTCTGTAATACAATTTACTATACAAGTCATCAGCAGGCTGAGTATATGTCAGAATTT
CTAGCTGAACTGAGTGCTATATGACAACAAGGATTTTCTTGTTTTCCCAAGTGTTTTT
[G,T]
TTCCATTTAGTCAGGTAGGTCAATGAATTCACATTGCCCAAATGAAAGACACTTCAAGTT
ACCCATAATCACTGATGTGTCCAATTTTGACATTAGAAAAACCTGATTAATATATTCCTT
CCAATATGGAACTTGCCCTAATAACTAAAGCTAAGATTCAAAGCCTAAATGTATTACA
GCTCAAGTATTAATTCAAATATTTATTGGTTATTTTTTTCAGGAGTTGAAAAAGTCATTTGG
TTGCCAATTGTGGATTTGGGATTTTATCTATTAAAGGGTTTTTTTTTTTTTCTCTTGC
- 12345 TTTAAGTCCCATATCCTGCTCTTTTCTCCGTCAGTTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCC
ACCAGGAATCCCCATCCAAGTTTACTTTCCCAACTCCTGGAAGTTTCAATTGTGCTGCCT
TTGTGACATTATCATATCTTTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTTTGGCTCACTGTTCTCT
ACTTTTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGTACACATGGG
TAACATGGAAAACCCCGATTTTCCCTTATATTCAAGGTATTATTTGACCTTAAGAAAAAC
[T,C]
GTTTTACATTTCATACCAATTAATGAGAAAAAAATATTGGCAAGCACTGACTGGGCAGAA
TACAGGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTTGGGATTGAGGGCCTTTATTGCAATCTC
CTTGTAATAATATTTGATACTCTTCCTCATCTGGAGACACATTCTAAGTAACTTTTCC
TGAATAATTTGGTCTCCTTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTC
TTTCCTAGAATGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTTGAATTTTGGTTTTTT
- 12349 AGTCCCATATCCTGCTCTTTTCTCCGTCAGTTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCCACCA
GGAATCCCCATCCAAGTTTACTTTCCCAACTCCTGGAAGTTTCAATTGTGCTGCCTTTGT
GACATTATCATATCTTTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTTTGGCTCACTGTTCTCTACTT
TTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGTACACATGGGTAAC
ATGGAAAACCCCGATTTTCCCTTATATTCAAGGTATTATTTGACCTTAAGAAAAACTGTT
[C,T]
TACATTTCATACCAATTAATGAGAAAAAAATATTGGCAAGCACTGACTGGGCAGAATACA
GGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTTGGGATTGAGGGCCTTTATTGCAATCTCCTTG
TAAATAATATTTGATACTCTTCCTCATCTGGAGACACATTCTAAGTAACTTTTCTGAA

FIG. 3-23

TAATTTGGTCTCCTTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTCTTTC
CTAGAATGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTTGAATTTTGGTTTTTGGCTA

13115 TAGAAGATAAGAAAACGAAGATAGCTTCTACCAAATCTGCAACAATAAGATACTCTGGT
TGATATGTAGCGAATTTATGTCCTTATGGGCTGGATCCAACAAGAAAAATATGAATCAGG
TATGTATGATAATTATAGGGCCATTTGATACCTTAAGAAATCCAGCTTTCCTTTGACTC
ATTTTGATATATCTATTTACTGTATAAATTCATATGGTATTCCAAACCTTAAAGACAGA
TTTTTTTTTGGCTTTTAAAAATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGACA
[C,T]

ATATATTTTGGATATAAGCATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCA
TCACCTCAAGCATTTATCATTTCTTTTGTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAGTT
ATTTTGAAATATACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACT
TAGTCCTTCTAACGGTATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCCAC
CCCTACTACCTTCCCAGCCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTCA

13354 ATTTTTTTTTGCTTTTAAAAATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGAC
ACATATATTTTGGATATAAGCATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATC
CATCACCTCAAGCATTTATCATTTCTTTTGTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAG
TTATTTTGAAATATACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGA
CTTTAGTCCTTCTAACGGTATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCC
[T,A]

CCCCTACTACCTTCCCAGCCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTC
AGTTTTTTTTTAAACTCCCCTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTTGTCTTTTGTGCCT
GGCTTATTTCACTTAATGTAATGTTCTCTAATTTATCCACATTATTGCAATGACATGA
TTTCATTCTTCTTATGGCTGTCTATATGTACCACATTTTATTTATCCACTCATCTGTTGA
TGGACACTTAGGCTGATTTATATCTTGGTCATTGTGAATAGTGCTGTACTAAACATGGG

13373 AATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGACACATATATTTTGGATATAAG
CATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCATCACCTCAAGCATTTAT
CATTTCTTTTGTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAGTTATTTTGAAATATACAAT
GAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACTTTAGTCCTTCTAACGGT
ATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCACCCCTACTACCTTTCCCA
[C,G]

CCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTCAGTTTTTTTTTAAACTCCC
CTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTTGTCTTTTGTGCCTGGCTTATTTCACTTAATGT
AATGTTCTCTAATTTATCCACATTATTGCAAATGACATGATTTCACTCTTCTATGGCT
GTCTATATGTACCACATTTTATTTATCCACTCATCTGTTGATGGACACTTAGGCTGATTT
CATATCTTGGTCATTGTGAATAGTGCTGTACTAAACATGGGGGTGCAGATGTCTCTTCCA

14677 AGAGATAGAGATCTAATTTCACTTCTGTCATATGGATATCTAGTTTTCCAGCATCATT
TCTTGTGGAAATTGTCCTTTGCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTAGTT
GACTATAAATGTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTC
TGTTTTTATGCCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGAAGT
CAGGTCATGTGATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAAC
[C,G]

TAAAGACTCCAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGAT
ACAACATCAACATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAA
AAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAA
ACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACATAAAAC
ACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAATAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGAT

14734 ATTTCTTGTGGAAATTGTCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTA
GTTGACTATAAATGTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGT
GTCTGTTTTTATGCCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGATGTATAATTTGA
AGTCAGGTCATGTGATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAA
AACGTAAAGACTCCAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCA
[G,A]

GATACAACATCAACATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTT
AAAAAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAAT
AAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACATAAA
AACACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAATAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATG
GATTGCAAGAATCAATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAA

14747 ATTGTCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTAGTTGACTATAAAT
GTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCTGTTTTTATG
CCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGATGTATAATTTGAAGTCAGGTCATGT
GATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAACGTAAAGACTC
CAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGATACAACATCA
[A,G]

CATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAAAAAAAGAAAG
AAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAAACACCTAGGA
ATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACATAAAACACTGATGAAA
GAAATTGAAAATGACATTAATAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGATTGCAAGAATC
AATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATC

14808 TGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCTGTTTTTATGC
CAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGATGTATAATTTGAAGTCAGGTCATGTG
ATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAACGTAAAGACTCC
AACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGATACAACATCAA
CATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAAAAAAAGAAAG
[- ,A]

AAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAAACACCTAGGAA
TAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACATAAAACACTGATGAAAG
AAATTGAAAATGACATTAATAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGATTGCAAGAATCA
ATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATCA
AAATACCAATGACATTCTTCATTGAAATAAAAAAAAAGCCTAAAATTTAAGTGGAACCAT

15086 AATAATCTTAAAAAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTAC
AAATAAAATAAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGA
AAACTATAAAACACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAATAAATGGAAAGGTATTCC

10003302-120601

ATGTTTCATGGATTGCAAGAATCAATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTA
CAGATTCAATGCAATCCCTATCAAAATACCAATGACATTCTTCATTGAAATAAAAAAAAA
[- ,A,G]

CCTAAAATTTAAGTGGAACCATGAAGGTAGATGTCTGCTATACATAGAAGATTAAGTACT
CAACAAACCTTGAATATGAAGACTGGGGAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTTCTATTCCC
TGGTGAAATTTAGGAGAATGGATGTTTTATAATGGGTAGCAGTTCTTACATGTTCTCAA
TCAGCCATAACTTACTACAGTCAATTTGAATTTATTGCATTTGAATATATTGGATTAAAA
ATAAAATCCTAAAAAAGGAGAGAAGCACATATAAACCTGCGTCTTATTTTCATGTGTTCT

15414 TAGATGTCTGCTATACATAGAAGATTAAGTACTCAACAAACCTTGAATATGAAGACTGGG
GAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTTCTATTCCCTGGTGAAATTTAGGAGAATGGATGTTT
TATAATGGGTAGCAGTTCTTACATGTTCTCAATCAGCCATAACTTACTACAGTCAATTT
GAATTTATTGCATTTGAATATATTGGATTAAAAATAAAATCCTAAAAAAGGAGAGAAGCA
CATATAAACCTGCGTCTTATTTTCATGTGTTCTTTCTTTGTGGTGACTTTTGTTTTGAA
[A,G]

TAAACCTGCAAAATAACAGGACAGGGTGGAAGGGAGATGGGATCCCCCTCTTTATGAAGA
AGCAGCAGTCCTGTTTTATCACCTCTTCATTTTCTGTTATTGAGAATTCAGAAGAAGGA
GGAGGAAGAGTTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCA
AATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCC
TATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGT

15722 TGCAAAATAACAGGACAGGGTGGAAGGGAGATGGGATCCCCCTCTTTATGAAGAAGCAGCA
GTCCTGTTTTATCACCTCTTCATTTTCTGTTATTGAGAATTCAGAAGAAGGAGGAGGAA
GAGTTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCAAATAGCA
GCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTC
TAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTTGGCTTG
[T,C]

TCAAAAGTAAAGATTTTTTAATAGTTTCTCTTAATTAGATTATTTTCTAAGACATAGAATT
ATGATTACTATTTTATCTCTATAATTTTCATCTCTATAACGTTTACAAATACTGAAATAA
CCTTTGGAAAAAATTGGCTTTTAGCTTTACTTTTGCAATATTTTATTTTATCCCCATAAA
AGCCTAGGAAATTGGTACTATGACTTTTAGTATGTTCAATTAATAGATGAAAACACAGAA
ACTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAACAACAACAGGG

15861 GGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCAAATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAG
TGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTGTT
AGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTTGGCTTGTTCAAAGTAAAGATTTTT
AATAGTTTCTCTTAATTAGATTATTTTCTAAGACATAGAATTATGATTACTATTTTATCT
CTATAATTTTCATCTCTATAACGTTTACAAATACTGAAATAACCTTTGGAAAAAATTGGC
[T,C]

TTTAGCTTTACTTTTGCAATATTTTATTTTATCCCCATAAAAGCCTAGGAAATTGGTACT
ATGACTTTTAGTATGTTCAATTAATAGATGAAAACACAGAACTCAAAGATGTTAAATAT
GGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAACAACAACAGGGCCTGAACTCCTGGTTTTCT
GATTTAATCTGTGACAGTGACCTGGGTGCGCATGCATGCATCACCCCCACACTTGACAA
TAGAACCTTTCCTAGTTGGCTTTGCTCCATGATGACCATTACTGTTCTTCTACTTCAAA

10003309.120601

- 16264 CTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAACAGGGC
CTGAACTCCTGGTTTTCTGATTTAATCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGCATGCATGCAT
CACCCCCACACTTGCACATAGAACCCTTCTAGTTGGCTTTGCTCCATGATGACCATTAC
TGTTCCCTTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGAGCTGGTACAGGTGTG
CTGTCAAGCAGCCCATTCCATTAGTCAGCTTGTGGTTCACTCACATTAAAGTATTGACCT
[A,T]
AATGGTATATTTATCTAGATAATTCTACCTTGTATTTTCAAAGCCCCAGTCTTGTGTTGC
TAATTCTGTGCATCATTTTTCTCTGATTCTGAAAGGCAAAATTTTGTGGGCAATTGCTG
TAATATGAGTTTTATCTCCTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACATGCTCCCACT
GGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCTTAGTCATGGAAAACC
ATTCCAATCCTTATTTTCAATATATTTAAAAAGACAGAATTGACCCTGTAAACAGGCCTA
- 16314 ACAACAGGGCCTGAACTCCTGGTTTTCTGATTTAATCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGC
ATGCATGCATCACCCCCACACTTGCACATAGAACCCTTCTAGTTGGCTTTGCTCCATGA
TGACCATTACTGTTCTTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGAGCTGG
TACAGGTGTGCTGTCAAGCAGCCCATTCCATTAGTCAGCTTGTGGTTCACTCACATTAA
GTATTGACCTAAATGGTATATTTATCTAGATAATTCTACCTTGTATTTTCAAAGCCCCA
[G,A]
TCTTGTGTTGCTAATTCTGTGCATCATTTTTCTCTGATTCTGAAAGGCAAAATTTTGTGG
GCAATTGCTGTAATATGAGTTTTATCTCCTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACA
TGCTCCCACTGGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCTTAGTC
ATGGAAAACCATCCAATCCTTATTTTCAATATATTTAAAAAGACAGAATTGACCCTGTT
AACAGGCCTACCCTAAGAATCTTAAGAGCTTGCTTCCAGTTTGTCTTGTGCTTCTGT
- 16877 TAAGAGCTTGCTTCCAGTTTGTCTTGCTGCCTTCTGTATGCCTTGATTTCCCTGGAATT
TAAGAGAAAGGATGTTATGGTACAGACCAAGTAGATGACATAAATGAACACCACCTTAA
TCAGAGTTTTAAAAATAGGCCCTGAACTGAAGCAAGAGGTAACTAGGGAAGCCTCAGGA
GAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATCTGGGATTTAACTTCTTTCTAATGAGGCTTGG
TTTTCCATGAACTTTTCTTTAAACCAAGGGGGGTATTGCTCATCTTCTGTTGAGCCCC
[A,G]
TTTGTCAATTTGTAATGAAATGGGTGGTTACATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTC
GTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAATTTGCTGTTAGCTTTCATGATTCTTACCCTAAC
TATTTCTTTTCTAAAAACATTTGTTTCAGCTTACCCTCTGATGAATTCAGAGCTTAT
GACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAA
CCCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATAATAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCC
- 16966 AGTAGATGACATAAATGAACACCACCTTAAATCAGAGTTTTAAAAATAGGCCCTGAACTG
AAGCAAGAGGTAACTAGGGAAGCCTCAGGAGAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATC
TGGGATTTAACTTCTTCTAATGAGGCTTGGTTTTCCATGAACTTTTCTTTAAACCAAG
GGGGTATTGCTCATCTTCTGTTGAGCCCCATTTGTCATAATTGTAATGAGGTGGTTA
CATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAAT
[T,G]
TGCTGTTAGCTTTCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAACATTTGTTTCA
GCTTACCCTCTGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAA
ACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATA

1003302-120601

ATAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGA
TAGAACTTTTTTTTAAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAATTTATAA

17147 GGGGTATTGCTCATCTTTCTGTTGAGCCCCATTTGTCATAATTGTAAAATGGGTGGTTAC
ATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAATT
TGCTGTTAGCTTTTCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCA
GCTTTACCACTCTGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAA
ACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATA
[A,G]

TAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGAT
AGAACTTTTTTTTAAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAATTTATAAA
TTAAAGAAGCATATACAAAGAACTTACATCATGTGTAATCCTTCCATCCAGAGATAACT
AGATGTACTAACATTTTGGTGTATTTATTCCAATTTTCTCAGTATTATATTGCTTTTAGA
CAACTTTTAATCTTTCTATTTTACTTAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATAACTGAGG

17219 ATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAATTTGCTGTTAGCTT
TCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCAGCTTTACCACTC
TGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACAATCA
GGTGAGCTATTTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATAATAAAAAATTAT
TTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGATAGAACTTTTTT
[T,C]

TAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAATTTATAAATTAAGAAGCAT
ATACAAAGAACTTACATCATGTGTAATCCTTCCATCCAGAGATAACTAGATGTACTAAC
ATTTTGGTGTATTTATTCCAATTTTCTCAGTATTATATTGCTTTTAGACAACTTTTAATC
TTTCTATTTTACTTAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATAACTGAGGGATTTTAAATG
CATTTTAAATGGCTACATAATAGAAATTATTTTCATAAAAATCTTTACAGCATAAATGAAT

18628 AAAATGAAACAAAATCAACACGCACATTCAAGATCATTATGGTCAAGTACTAAAGTATGT
GAGAGTGTTAATGTCCTTAGAATTTGGCCACAGTTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCC
GGTCCTATTTTGTGAATTAATCTCATTGATGCCAATTTTATTACATTCTCTCCAAAAA
ACTAGTCTCAACAGTTTGCTCTCTCCTCAAGTTCACAGCATTATCTCTGCTATATCTATA
TTTTATTGAGTATAAGAGAATTAACCCATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTTCTCATC
[A,G]

TTTTGTTCAACAGTGTTTTCTCATCTTGAAGAGTACATGACAATTAAGTGGGCTCCAGTA
TCTATGTGTTGCATTAATGAAATTTCTTAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCTATCTT
CTTGATTCTCTCCTTCTTTCTCTATCAGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAAGTTAT
TCCGGTCTGTGCCCTTGATCCCATCTCTTCTCACTTCCCCTTCTTCTGCTCCATTC
TCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAGACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTATGTCAC

18655 TCAAGATCATTATGGTCAAGTACTAAAGTATGTGAGAGTGTTAATGTCCTTAGAATTTGG
CCACAGTTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCCGGTCTATTTTGTGAATTAATCTCATT
TGATGCCAATTTTATTACATTCTCTCAAAAAAAGTCTCAACAGTTTGCTCTCTCCT
CAAGTTCACAGCATTATCTCTGCTATATCTATATTTTATTGAGTATAAGAGAATTAACCC
ATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTTCTCATCGTTTTGTTCAACAGTGTTTTCTCATCT
[T,G]

FIG. 3-28

GAAGAGTACATGACAATTACTGGGCTCCAGTATCTATGTGTTCATTAATGAAATTTCT
TAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCTATCTTCTTGATTCTCTCCTTCCTTTCTCTATC
AGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAAGTTATTCGGTCTGTGCCCTTGATCCCATCT
CTTCTCACTTCCCCTTCCTTCCTGCCTCCATTCTCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAG
ACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTATGTCACCTCTGTTCTTATCAACATATTTTAGTA

18984 CAGTATCTATGTGTTCATTAATGAAATTTCTTAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCT
ATCTTCTTGATTCTCTCCTTCCTTTCTCTATCAGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAA
GTTATTCGGTCTGTGCCCTTGATCCCATCTCTTCTCACTTCCCCTTCCTTCCTGCCTC
CATTCTCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAGACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTAT
GTCACCTCTGTTCTTATCAACATATTTTAGTATTGAAGAGGGCTTCTTCTACTTACTCCT
[G,T]

AACCTTGTACAATGTAGTTTAGGTCTTCATCTTTTATCATAGCTACCTTATTTAAAGTC
ACCCATGGCTTTTAATTGCCAAATCAATGGCCTATCTTCACCTTTTGAAATGTGTTATG
TTCGTTACCACAGTCTCCTTGAAACTCAGTCCCCTGACTTGGACTTCCATAACACAATGA
TTTCTGATTTTCTTCTGTTTGTGATTGTTCCCTTTGTCCCAGGCACTGGCTACTCCACC
TTCCACCTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCCT

19407 CGTTACCACAGTCTCCTTGAAACTCAGTCCCCTGACTTGGACTTCCATAACACAATGATT
TCTGATTTTCTTCTGTTTGTGATTGTTCCCTTTGTCCCAGGCACTGGCTACTCCACCTT
CCACCTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCCTTG
GAGAAGTCAGCATAGCTTTAATTTGGACCATTTCTATGGCTTATCTAGATTTTTCAGGA
CTTGCCTTCAACCTATTCTTCTGTAGGTGATTCCATTAAGTGTGCCCATATGGTAGTC
[C,T]

GAAGACAGACCTCCGAGAAATGACCCTTGTCTCCAAACTTCCGCAATATGTCCAAATTT
CCTAGCCTGACATTGAGCTTTGATTATCTGCCTCCAAGTTTATATCCTATCATATTCTT
TTATATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGGAAGCTTGCCATTCTGATCATAGCCTACAA
ACTCTTCCTGCCTCCCACTCACCTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGA
GTCATTTACAGGACCCCTCTTCTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCCTTT

19531 CTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCCTTGAGAG
AGTCAGCATAGCTTTAATTTGGACCATTTCTATGGCTTATCTAGATTTTTCAGGACTTG
CCTTCAACCTATTCTTCTGTAGGTGATTCCATTAAGTGTGCCCATATGGTAGTCCGAA
GACAGACCTCCGAGAAATGACCCTTGTCTCCAAACTTCCGCAATATGTCCAAATTTCTT
AGCCTGACATTGAGCTTTGATTATCTGCCTCCAAGTTTATATCCTATCATATTCTTTA
[T,C]

ATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGGAAGCTTGCCATTCTGATCATAGCCTACAACTC
TTCCTGCCTCCCACTCACCTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGAGTCA
TTTACAGGACCCCTCTTCTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCCTTTTTTT
CCATTTTATTTTGGAGTGTTTATGGCATTTAACATACCTTACTTTGTATACAAATATTT
GCCTTGCTCCCTCTTTTGAAATTTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTTTCTTCATA

19911 CTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGAGTCATTTACAGGACCCCTCTTT
CTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCCTTTTTTTCATTTTATTTTGGAGTG
TTTATGGCATTTAACATACCTTACTTTGTATACAAATATTTGCCTTGCTCCCTCTTTTG

FIG. 3-29

10003302-120601

10003303-120601

AAATTTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTTTCTTCATATGTTGCTGGTGCCTAACAG
AACTATGGCCATTGTCCACATTCATTTAGCAGCCTTTGTAGTTATTGCTTTGAGGAGCTT
[C,T]
CTCTCATGAATGCCCTTGCTTTCTCTCCCACAGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACT
GCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTGGTGGACATGATGTCCTCGTAACACCCCAG
GATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTTAAGCTATTGCCAGAT
TGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCGATGCCCCCTCAACGGATGTACAGTGAATC
ATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGCAATGCATTTACTTTTCAATTAAGTTGC

20199 TTTGAGGAGCTTCCTCTCATGAATGCCCTTGCTTTCTCTCCCACAGAGTCATCCCCCTAT
ATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTGGTGGACATGATGTCCT
CGTAACACCCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTTAA
GCTATTGCCAGATTGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCGATGCCCCCTCAACGGAT
GTACAGTGAATCATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGCAATGCATTTACTTTTC
[A,G]
ATTAAGGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAATGGTAACCAACAATGAGG
TTGTCCCCCAGCACCTGGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTTTTCCAAGTCAATTGTGT
TAGTGTTATTTATGTTTAGAGACATCTTTCATGGGACCATCTACAGGTCCTTATAAACA
ATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAGTTGCTACTCTATCTGGCATTAAAGTCTAA
TTAAATTGTAATTTTATAGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTCTGAAGCTTCAAAGGAA

20243 AGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTG
GTGGACATGATGTCCTCGTAACACCCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGA
GTCTTCATTACTTTAAGCTATTGCCAGATTGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCG
ATGCCCCCTCAACGGATGTACAGTGAATCATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGC
AATGCATTTACTTTTCAATTAAGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAAT
[G,A]
GTAACCAACAATGAGGTTGTCCCCCAGCACCTGGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTTT
TCCAAGTCAATTGTGTTAGTGTTATTTATGTTTAGAGACATCTTTCATGGGACCATCTA
CAGGTCCTTATAAACAATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAGTTGCTACTCTATC
TGGCATTAAAGTCTAATTAAATTGTAATTTTATAGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTC
TGAAGCTTCAAAGGAACAGTGAATTCCTTTAAGTCCTATATGGAAACCTCTGTTGTCA

20640 GACATCTTTGCATGGGACCATCTACAGGTCCTTATAAACAATGAGGTAGATTAGGCAAAA
AGATAAACAAGTTGCTACTCTATCTGGCATTAAAGTCTAATTAAATTGTAATTTTATAGG
CATACCATGAAGTATAGAAATGTCTGAAGCTTCAAAGGAACAGTGAATTCCTTTAAGGT
CCTATATGGAAACCTCTGTTGTCATTTTATTTATATGGATTGCTATGGCAATGGACAGAG
TGTGGGATTAGGAGGAGGGCCTGTAACCTCTTTATAAAAGTTTCTTAGCTATCCTGAAGA
[T,C]
GTATAGACATTTTTACTTTTTTAGGTATTTTCAACATCAGAAATTCAAAAAAGTCCCCAA
AGATTCTTCCAGAGAAGCCCTCTTTTCTTACAATCTTATCCCTGGCTATCTGCGTAAACG
GAATCTTGAACCCATAATAGGATACATGTATAAAATCTTCCTTATTAAGCAGAAATAAA
TTGTACAGCATCAATATCATTTTATAATCATAGGGAGGCTTCTTTGTTTAGCATGTAATG
CCCCCTTACAGGCTTTTGTCTTTGAGGGGTTGAACATTCCATGAAAACTGACAGA

- 21156 AGGCTTCTTTGTTTAGCATGTAATGCCCCCTTTACAGGCTTTTTGTTCTTTGAGGGGTTT
GAACATTCCATGAAAACTGACAGATAGGAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATG
GAAGCAGAAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAAACATTAAGTATTTTCTTCTCCATCTT
AAAAGCAATGAGAAGCCACCAAATATTTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGCATTTTT
GTAACCACCACTTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCT
[G,C]
AGCAAGTCTGTAAATCTGATCAAGTGTCTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGA
GAGATGATCCTTGAAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTTCTGCTCTGCTGGCAAA
TCCACAAGCTGCTGGCCCCTGGAGCCATTCTTCTCTCAAACTAGCATTTCATCAATTTAA
TGTATACGTATTGATGGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAA
TACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTG
- 21163 TTTGTTTAGCATGTAATGCCCCCTTTACAGGCTTTTTGTTCTTTGAGGGGTTTGAACATT
CCATGAAAACTGACAGATAGGAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATGGAAGCAG
AAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAAACATTAAGTATTTTCTTCTCCATCTTAAAGCA
ATGAGAAGCCACCAAATATTTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGCATTTTTGTAACCA
CCACTTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAG
[A,T]
CTGTAAATCTGATCAAGTGTCTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGAGAGATGA
TCCTTGAAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTTCTGCTCTGCTGGCAATCCACAA
GCTGCTGGCCCCTGGAGCCATTCTTCTCTCAAACTAGCATTTCATCAATTTAATGTATAC
GTATTGATGGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCAT
GATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATAT
- 21425 AATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAGTCTGTAAATCTGATCAAGTGT
CTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGAGAGATGATCCTTGAAAAATCCAGAGCCA
GCTCCATAATACTTTCTGCTCTGCTGGCAATCCACAAGCTGCTGGCCCCTGGAGCCAT
TCTTCTCTCAAACTAGCATTTCATCAATTTAATGTATACGTATTGATGGGGAATAATGGT
CACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAG
[G,A]
AGAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATATATACAAATATTTAAACAATTAT
ATGACTTTATAAAATATTTGTATATAATGAAAATGAAGCAATATAAAAAATAAATTAG
TTGTGTCAGGGTAGTAACATGATGAGTGATTAATAGTTTTTAATTTTAAATATAGTAATG
ACATAATGTTACAACCTGTCCAAATCTCACAACATAATTCAGTAAAGGAAGATAAAC
ATAAAAGAATACATATTTTATTATACATTTTATGTAGGCTAATTGATGGTTCTGAAAGC

Chromosome map:
Chromosome 10